



PCT/JP99/06412

17.11.99

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1998年12月22日

出願番号
Application Number:

平成10年特許願第364315号

出願人
Applicant(s):

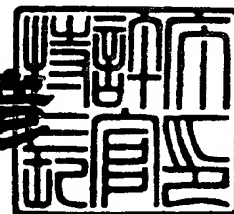
財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年12月24日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

近藤隆彦



出証番号 出証特平11-3089704

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018185

【提出日】 平成10年12月22日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質並びにそれをコードするDNA

【請求項の数】 6

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

 【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

 【代表出願人】

 【識別番号】 000173762

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

 【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

 【代表者】 近藤 聖

 【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

 【識別番号】 596134998

 【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

 【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

 【代表者】 棚井 丈雄

 【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

 【予納台帳番号】 011501

 【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質並びにそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA。

【請求項 4】 配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の cDNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせで行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP02837	HT-1080	4473	1445
2、12、22	HP02991	KB	2630	582
3、13、23	HP03063	HT-1080	1472	410
4、14、24	HP03091	肝臓	1652	483
5、15、25	HP03092	肝臓	2112	607
6、16、26	HP03116	KB	1087	314
7、17、27	HP10618	HT-1080	1694	94
8、18、28	HP10619	HT-1080	1522	218
9、19、29	HP10622	肝臓	1591	460
10、20、30	HP10625	肝臓	1249	216

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2cDNAライブラリー(WO97/33993)、類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリー(WO98/11217)、手術によって摘出された肝臓組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用了。個々のライブラリーから完全長

cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]により、疎水性/親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写/翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μ gを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5 μ l、緩衝液（キットに付属）0.5 μ l、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2 μ l、 [³⁵S] メチオニン（アマーシャム社）2 μ l（0.37MBq/ μ l）、T7RNAポリメラーゼ0.5 μ l、RNasin20Uを含む総量25 μ lの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μ lを添加して行なった。反応液3 μ lにSDSサンプリングバッファー（125mMトリス塩酸緩衝液、pH6.8、120mM2-メルカプトエタノール、2%SDS溶液、0.025%ブロモフェノールブルー、20%グリセロール）2 μ lを加え、95℃3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100 μ g/mlアンピシリン含有2xYT培地2ml中で37℃2時間培養した後、ヘルパーファージM1

3 KO7 (50 μ l) を添加し、37℃で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを100 μ lの1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS 7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO₂存在下、37℃で培養した。1 × 10⁵個のCOS 7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3 cm) に植え、5%CO₂存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1 μ l、DMEM 培地0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3 μ lを懸濁したものを添加し、5%CO₂存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml 加え、5%CO₂存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [³⁵S] システインあるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP02837> (配列番号1、11、21)

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP02837のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、44 bpの5' 非翻訳領域、4338 bpのORF、91 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは1445アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量161,657とほぼ同じ150 kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である

(-3、-1) 規則を適用すると、成熟蛋白質は 22 番目のバリンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が 18 箇所存在する。

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト α -2 マクログロブリン (SWISS-PROT アクセション番号 P01023) と類似性を有していた。表 2 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とヒト α -2 マクログロブリン (MG) のアミノ酸配列の比較を示す。- はギャップを、* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、29.5% の相同性を有していた。

【0029】

【表 2】

表 2

HP	MQGPPLL--TAAHLLCVCTAALA-VAPGPRFLVTAPGIIRPGGNVTIGVELLEHCPSQVT
	* ** *** * * * * * * ** **
MG	MGKNKLLHPSLVLLLLVLLPTDASVSGKPQYMLVP-SLLHTETTEKGCVLLSYLNETVT
HP	VKAELLKTASN-LTVSVLEAE-GVFEKGSFKTLTLPPLNSADEIYELRVGTGRQDEIL
	* * * * **** * * * * * * * * *
MG	VSASLESVRGNRSLFTDLEAENDVLHCVAFA---AVPKSSSNEEVMFLTVQVKGPTQ---E
HP	FSNSTRLSFETKRISVFIQTDKALYKPKQEVKFRIVTLFSDFKPYKTSLNIL--IKDPKS
	* * ** **** *** * **** * * * * * ****
MG	FKKRTTVMVKNEDSL VFVQTDKSIYKPGQTVKFRVVSMDENFHP-LNELIPLVYIQDPKG
HP	NLIQQWLSQQSDLGVISKTFQLSSHPI LGDWSIQVQ-VNDQTYYSFQVSEYVLPKFEVT
	* * * * * * * **** * ** * * * **** * *
MG	NRIAQQWQSFQLEGGLKQFSFPLSSEPFQGSYKVVVQKKSGGRTEHPFTVEEFVLPKFEVQ
HP	LQTPLYCSMNSKHLNGTITAKYTYGKPVKGDVT----LTFLPLSFWGKKKNITKTFKING
	* * **** * * * * * * *
MG	VTVPKIITILEEEMNVSVCGLYTYGKPVPGHVTVSICRKYSDASDCHGEDSQAFCEKFSG

HP SANFSFNDEEMKNVMDSSNGLSEY-LDLSFPGPVEILTTVTESVTG----ISRNVTNVF

* ** * ** *

MG QLNSHGCFYQQVKTKVFQLKRKEYEMKLHTEAQIQEETVVELTGRQSSEITRTITKLSF

HP FK--QHDYIIIEFFDYTTVLKPSLNFTATVKVTRADGNQLTLEERRNNVVITVTQRNYTEY

* * * ** *

MG VKVDSHFRQGIPFFGQVRLVDGKGVPIPNKVIFIRGN-----EANYYSNATTDEHGLV

HP WSGSNSGNQKMEAVQKINYTPQSGTFKIEFPILEDSSSELQKAYFLGSKSSMAVHSLFK

* * * * *

MG QFSINTTN-VMGTSLTVRVNYKDRSPCYGYQWVSEEHEEAHHTAYLVFSPSKSFVHLEPM

HP S--PSKTYIQLKTRDENIKVGSPFELVVSGNKRKLKELSYMVVSRGQLVAVGKQ--NSTMF

* * * * *

MG SHELPCGHTQTVQAHYILNGGTLLGLKKLSFYYLIMAKGGIVRTGTHGLLVKQEDMKGHF

HP S-LTPENS-WTPKACVIVYYIEDDGEIISDVLKIPVQLVFNKIKLYWSKVKAEPSEKVS

* * * * *

MG SISIPVKSDIAPVARLLIYAVLPTGDVIGDSAKYDVENCLANKVDLSFSPSQSLPASHAH

HP LRISVT-QPDSIVGIVAVDKSVNLMNASNDITMENVVHEL-ELYNTG-----

** ** * * * * *

MG LR--VTAAPQSVCALRAVDQSLLMKPDAELSASSVYNLLPEKDLTGFPGLNDQDDEDC

HP -----YYLGMFMNSFAVFQE-CGLWVLTDANL---TKDYIDGVYDNAEYAERFMEENEG

* * * * *

MG INRHNVYINGITYTPVSSTNEKDMYSFLEDMGLKAFTNSKIRKPKMCPQLQQYEMHGPEG

HP HIV-----DIHDFSLGSSPH---VRKHFPETWIWLDTNMGSRIVQEFEVTPDSI

* ** * * * *

MG LRVGFYESDVMGRGHARLVHVEEPHTETVRKYFPETWIWDLVVVNSAGVAEVGVTVPDTI

HP TSWVATGFVISEDGLGLTTTPVELQAFQPFIFLNLPSVIRGEFALEITIFNYLKDA

* * * * *

MG TEWKAGAFCLSEDAGLGISST-ASLRAFQPFVELTMPYSVIRGEAFTLKATVLNLYPKC

HP TEVKVIIIEKSKFDILMTSSE-----INATGHQ-QTLLVPSEDGATVLFPIRPTH--GE

* * * * *

MG IRVSVQLEASPAFLAVPEKEQAPHCICANGRQTVSWAVTPKSLGNVNFTVSAEALSEQE
HP IPITVTALSP--TASDAITQMILVKAEGIEKSYSQSILLDLTDNRLQSTLKTLSFSFPPN

* * * ** ** ** **

MG LCGTEVPSVPEHGRKDTVIKPLLVEPEGLEKETTFNSLL---CPSGGEVSEELSLKLPPN
HP TVTGSESVQITAIGDVLGPSINGLASLIRMPYGCGEQNMVLFAPNIYVLDYLTKKKQLTD

* * * ** ** * ***** **

MG VVEESARASVSVLGDILGSAMQNTQNLLQMPYGCGEQNMVLFAPNIYVLDYLTNETQQLTP
HP NLKEKALSFMQGYQRELLYQREDGSFSAFG--NYDPSGSTWLSAFVLRFCLEADPYIDI

* ** **** * * ** * * * ** * * * *

MG EVKSKAIGYLNTGYQRQLNYKHYDGSYSTFGERYGRNQNTWLTAFLKTFARAYIFI
HP DQNVLHRTYTWLKGHQKSNGEFWDPGRVIHSELQGGNKSPVTLTAYIVTSLGVRKYQPN

* ** ** * * * ** ** ** *

MG DEAHITQALIWLSQRQKDNCGFRSSGSLNNAIKGGVEDEVTL SAYITIALLEIPLTVTH
HP IDVQESIHFLES-----EFSRGISDNYTLALITYALSSVG-SPKAKEALNMLTWRAEQE

* *** * * * ** * * * * *

MG PVVRNALFCLESAAWKTAQEGDHG-SHVYTKALLAYAFALAGNQDKRKEVLKSLNEEAVKK
HP GGMQFW-----VSSSKLSDSWQPRSLDIEVAAYALLSHFLQFQ--TSE----GIPIMRW

* * * * * ** *

MG DNSVHWERPQKPKAPVGHFYEPQAPSAEVENTSYVLLAYLTAQPAPTSDELTSATNIVKW
HP LSRQRNSLGGFASTQDITVALKALSEFAALMNTERTNIQVTVTGPS-PPVVKFLIDTHN

* * *** ***** ** * * * ** ** * *

MG ITKQNAQGGFSSTQDITVALHALSKYGAATFT-RTGKAAQVTIQSSGTFSSKFQVDNNN
HP RLLQTAELAVVQPTAVNISANGFGAICQLNVVYNVKASGSSRRRRSIQNQEAFDLDA

***** * * * * ** *

MG RLLQVSL-PELPGEYSMKVTGEGCVYLQTSKYN----ILPEKEEFPFALGVQTLPT
HP VKENK-DDLNHVDLNVCTSFSGPGRSGMALMEVNLLSGFMVPSAISLSETVKKVEYDHG

* * * * * ** * * * *

MG CDEPKAHTSFQISLSVSYTGS-RSASNMAIVDVKMVSGF-----IPLKPTVKMLE----
HP KLNLYLDSVNETQFCVNI PAVRNFKVSNTQDASVSI VDYIEPRRQAVRSYNSEVKLSSCD

* * * * *

MG ----RSNHVSRTEVSSNHVLIYLDKVSNTLSLFFTVLQDVP----VR-----D

HP LCSDVQGCRCPCEDGASGSHHSSVIFCFKLLYFMELWL

* * *

MG L---KPAIVKVYDYYETDEFAIAEYNAPCSKDL----GNA

【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号W33075）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP02991>（配列番号2、12、22）

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP02991のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、81bpの5'非翻訳領域、1749bpのORF、800bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは582アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量64,244よりやや大きい66kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる78kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は27番目のバリンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が7箇所（70番目Asn-Gly-Thr、182番目Asn-Gly-Thr、294番目Asn-Gly-Ser、310番目Asn-His-Thr、352番目Asn-Gly-Thr、393番目Asn-Glu-Thr、407番目Asn-Cys-Ser）存在する。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウスFKBP65結合蛋白質（GenBankアクセション番号L07063）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とマウスFKBP65結合蛋白質（MM）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、88.8%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MFPAGPPSHSLRLPLQLLLL	VVQAVGRGLGRASPAGGP	LEDVVIERYHIPRACPREVQ
	** .*.**. * .*. .**** .*. .*****.*****.*****		
MM	MFLVGSSSHTLHRVRIPLLLL	-LQTLERGLGRASPAGAP	LEDVVIERYHIPRACPREVQ
HP	MGDFVRYHYNGTFEDGKKFD	SSYDRNTLVAIVVGVGRLIT	GMDRGLMGMCVNERRRLIVP
	*****.*****.*****.*****.*****		
MM	MGDFVRYHYNGTFEDGKKFD	SSYDRSTLVAIVVGVGRLIT	GMDRGLMGMCVNERRRLIVP
HP	PHLGYGSIGLAGLIPPDATLY	FDVLLDVWNKEDTVQVSTLL	RPPHCPRMVQDGDVRYH
	*****.*****.*****.*****.*****		
MM	PHLGYGSIGVAGLIPPDATLY	FDVLLDVWNKADTVQSTILL	RPPYCPRMVQNSDFVRYH
HP	YNGTLLDGTSTFDTYSKGGTY	DYVGSGLIKGMDQGLLGMCP	GERRKIIIPPFLAYGEK
	*****.*****.*****.*****.*****		
MM	YNGTLLDGTGFDNSYSRGGTY	DYIGSGWLIKGMDQGLLGMCP	GERRKIIIPPFLAYGEK
HP	GYGTVIPPQASLVFHVLLIDV	HNPDAVQLETLELPPGCVRRA	GAGDFMRYHYNGSLMDG
	*****.*****.*****.*****.*****		
MM	GYGTVIPPQASLVFYVLLLDV	HNPKDTVQLETLELPQGCVRRA	VAGDFMRYHYNGSLMDG
HP	TLFDSSYSRNHTYNTYIGQGYI	IPGMDQGLQGACMGERRRIT	IPPHLAYGENGTGDKIPG
	*****.*****.*****.*****.*****		
MM	TLFDSSYSRNHTYNTYVGQGYI	IPGMDQGLQGACIGERRRIT	VPPHLAYGENGTGDKIPG
HP	SAVLIFNVHVIDFHNPA	DVVEIRTLSRPSETCNETTKL	GDFVRYHYNCSLLDGTQLFTSH

```

*****.*****.* ***.*****.*.*****.*.*****.*****.***.
MM SAVLIFDVHVIDFHNPSDPVEIKTLRPPENCNETSKIGDFIRYHYNCSLLDGTRLFSSH
HP DYGAPEATLGANKVIEGLDTGLQGMCGERRQLIVPPHLAHGESGARGVPGSAVLLFEV
**.* ***.*****.*****.*****.*****.*****.*****.
MM DYEAPQEITLGANKVIEGLDRGLQGMCGERRQLIVPPHLAHGENGARGVPGSAVLLFEV
HP ELVSREDGLPTGYLFVWHKDPPANLFEDMDLNKDGEVPPEEFSTFIKAQVSEGKGRMLPG
*****.***.*****.*****.*****.*****.*****.
MM ELVSREDGLPTGYLFVWYQDPSTSLFEDMDLNKDGEVPPEEFSSFIKAQVNEGKGRMLPG
HP QDPEKTIGDMFQNDQDRNQDGKITVDELKLKSDDEDEERVHEEL
***.***.*****.*****.*****.*****.
MM QDPDKTISDMFQNDQDRNQDGKITAEELKLKSDDEDQERVHEEL

```

【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA308536）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP03063>（配列番号3、13、23）

ヒトフィブロサルコマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP03063のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、88bpの5'非翻訳領域、1233bpのORF、151bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは410アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量45,786とほぼ同じ46kDaの翻訳産物が生成した。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、

マウスAUP1 (GenBankアクセション番号U41736) と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とマウスAUP1 (MM) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、90.2%の相同性を有していた。

【0037】

【表4】

表4

```

HP MELPSGPGPERLFDShRLPGDCFLLLVLLLYAPVGFCLLVRLFLGIHVFLVSCALPDSV
  ** . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM MEPPAPGPERLFDShRLPSDGFLLALLLYAPVGLCLLVRLFLGLHVFLVSCALPDSV
HP LRRFVVRTMCAVLGLVARQEDSGLRDHSVRVLI SNHVTPFDHNI VNLTTTCSTPLLNSPP
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM LRRFVVRTMCAVLGLVARQEDSGLRDHSVRVLI SNHVTPFDHNI VNLTTTCSTPLLNSPP
HP SFVCWSRGFMEMNGRGELVESLKRFCASTRLPPTPLLLFPEEEATNGREGLLRFSSWPFS
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM SFVCWSRGFMEMDRRVELVESLKKFCASTRLPPTPLLLFPEEEATNGREGLLRFSSWPFS
HP IQDVVQPLTLQVQRPLVSVTVSDASWVSELLWSLFVPFTVYQVRWLRPVHRQLGEANEFF
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM IQDVVQPLTLQVQRPLVSVTVSDASWVSELLWSLFVPFTVYQVRWLRPVHRQLGEANEFF
HP ALRVQQLVAKELGQTGTRLTPADKAHEMKRQRHPRLRPQSAQSSFPSPGSPDVQLATL
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM ALRVQQLVAKELGQIGTRLTPADKAHEMKRQRHPRLRPQSVQSSFPSPSPSSDVQLTTL
HP AQRVKEVLPHVPLGVIQRDLAKTGCVDLTITNLEGAVAFMPEDITKGTQSLPTASASKF
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *
MM AHRVKEVLPHVPLNVIQRDLARTGCVDLTITNLEGAVAFMPEDVTEGSQSPPAPSAPKF
HP PSSGPVTPQPTALTFAKSSWARQESLQERKQALYFYARRRFTERRAQEAD
  * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . * . . . . . *

```


MM PSSGLATPQPTALTFAKSSWARQESLQERKQALYFYARRRFRERQAQAE

【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA131932）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP03091>（配列番号4、14、24）

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP03091のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、16bpの5'非翻訳領域、1452bpのORF、184bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは483アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は34番目のロイシンから始まると予想される。

【0040】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトOS-9蛋白質（SWISS-PROTアクセション番号Q13438）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトOS-9蛋白質（OS）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側281アミノ酸残基の領域において、27.8%の相同性を有していた。この中の8個のシステインが保存されていた。

【0041】

【表5】

表5

HP MEEGGGGVRS LVPGGPVLLVLCGLLEASGGGRALPQLSDDIPFRVNWPGTEFSLPTTGVL

.*. . . *. *. *. *. *

OS MAAETLLSSLLGLLLL-GLLLPASLTGGVGS LNLEELSEMRYGIEILPLPVMGGQ

HP YKEDNYVIMTTAHKEKYKCILP----LVTSGDEEEEEKDYKGPNPRELLEPLFKQSSCSYR

. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *

OS SQSSDVIVSSKYKQRYECRLPAGAIHFQREREETPAYQGPGIPELLSPM-RDAPCLLK

HP IESYWTYEVCHGKHIRQYHEEKETGQKINIHEY YLG NMLAKNLLFEKEREAEKEKSNEI

. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *

OS TKDWWTYEFYGRHIQYHME-DSEIKGEV--LYLG-----YYQSAFD-----WDDDET

HP PTKNIEGQMPYYPVGMNGTPCSLKQNRPRSSTVMYIC---HPESKHEILSVAEVTTC

. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *. . . . *

OS AKASKQHRLKRYHSQTYGNGSKCDL-NGRPREAEVRFLCDEGAGISGDYIDRVDEPLSCS

HP YEVVILTPLLCSHPKYRFRASPV-NDIFCQ-SLPGSPFKPLTLRQLEQQEILRVPFRRN

* . . * * * * * * *. . . . *. . . . *. . . . *

OS YVLTIRTPRLCPHPLL RPPPSAAPQAILCHPSLQPEEY MAYVQRQADSKQYGDKII EELQ

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA313678）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP03092>（配列番号5、15、25）

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP03092のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、19bpの5'非翻訳領域、1824bpのORF、269bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは607アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも6個の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、

高分子量の翻訳産物が生成した。

【0044】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラット肝臓特異的トランスポート蛋白質 (GenBank アクセション番号 L27651) と類似性を有していた。表 6 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とラット肝臓特異的トランスポート蛋白質 (RN) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、それぞれ表す。全領域にわたって、70.0% の相同性を有していた。

【0045】

【表 6】

表 6

```

HP  MGFEELLEQVGGFGPFQLRNVALLALPRVLLPLHFLLP IFLAAVPAHRCALPGAPANFSH
    **** ** ***** * **** ** ***** * ***** ***** **
RN  MGFEDLLDKVGGFGPFQLRNLVLMALPRMLLPMHFLLPVFMAAVPAHHCALPGAPANLSH
HP  QDVWLEAHLPREPDGTLSSCLRFAYPQALPNTTLGEERQSRGELEDEPATVPCSQGW EYD
    ** ***** ** ***** ** *** * ** * ** *****
RN  QDLWLEAHLPRETDGSFSSCLRFAYPQTVPNVTLGTEVSNSGEPGEPLTVPCSQGW EYD
HP  HSEFSSTIATESQVGIIYI IHLEVECRWRQSPWEAAGRGLPWEEAEAAGLGRDKVSYSPSW
    *****
RN  RSEFSSTIAT-----
HP  RESLGGLLSGMEWDLVCEQKGLNRAASTFFFAGVLVGAVAFGYLSDRFGRRRLLLVAYVS
    ***** * *** ** ** ***** *****
RN  -----EWDLCQQRGLNKITSTCFFIGVLVGAVVYGYLSDRFGRRRLLLVAYVS
HP  TLVLGLASAASVSYVMFAITRTLTSALAGFTIIVMPLELEWLDVEHRTVAGVLSSTFWT
    ***** ***** * ** * ***** ***** * **
RN  SLVLGLMSAASINYIMFVVTRTLTSALAGFTIIVLPLELEWLDVEHRTVAGVISTVFWS
HP  GGVMLLALVGYLIRDWRWLLAVTLPCAPGILSLWWVPESARWLLTQGHVKEAHRYLLHC
    *** ***** ***** **** ** * ***** * ** ***

```

RN GGVLLALVGYLIRSWRWLLAATLPCVPGIISIWWVPESARWLLTQGRVEEAKKYLLSC
HP ARLNGRPVCEDSFSQEAVSKVAAGERVVRPSYLDLFRTPRLRHISLCCVVWFVGVNFSY

* * * * *

RN AKLNGRPVGEGLSLSQALNNVVTMERALQRPYSYLDLFRTSQRLRHISLCCMMVWFVGVNFSY
HP YGLSLDVSGGLNVYQTQLLFGAVELPSKLLVYLSVRYAGRRLTQAGTLLGTALAFGTRL

* * * * *

RN YGLTLDVSGGLNVYQTQLLFGAVELPSKIMVYFLVRRLGRRLTEAGMLLGAALTFTGTS
HP LVSSDMKSWSTVLAVMGKAFSEAAFTTAYLFTSELYPTVLRQTGMGLTALVGRLLGSLAP

* * * * *

RN LVSLETKSWITALVVVGKAFSEAAFTTAYLFTSELYPTVLRQTGLGLTALMGRLGASLAR
HP LAALLDGVWLSLPKLTYYGIALLAAGTALLLPETRQAQLPETIQDVERKSAPTSLQEEEM

* * * * *

RN LAALLDGVWLLLPKVAYGGIALVAAGTALLLPETKKAQLPETIQDVERK---STQEE--
HP PMKQVQN

RN ----DV

【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号A1016020）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP03116>（配列番号6、16、26）

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP03116のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、32bpの5'非翻訳領域、945bpのORF、110bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは314アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法

で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は20番目のリジンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が3箇所（167番目Asn-Arg-Thr、200番目Asn-Asn-Ser、273番目Asn-Ile-Ser）存在する。

【0048】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトProstasin（SWISS-PROTアクセション番号Q16651）と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトProstasin（PR）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、39.8%の相同性を有していた。

【0049】

【表7】

表7

HP	MGARGALLALLARAGLRKPESQEAAPLSGPCGRRVITSRIVGGEDAELGRWPW
	..*.* . .* ** *. ..*** . .**.*.*.* **.*
PR	MAQKGVLGPGQLGAVAILLYLGLLRSGTG-AEGAEAPCG-VAPQARITGGSSAVAGQWPW
HP	QGSLRLWD SHVCGVSLLSHRWALTA AHCFETYSDLSDPGWMVQFGQLTSMPSFWSLQAY
	* *. . **** **.*.*.*.******.*. . *. .
PR	QVSITYEGVHVCGGSLVSEQWVLSAAHCF---PSEHHKEAYEVKLGA-HQLDSY---SED
HP	YTRYFVSN IYLSPRYLGNSPY-DIALVKLSAPVTYTKHIQPICLQASTFEFENRTDCWVT
* *.*. ****.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*
PR	AKVSTLKDIIHPHPSYLQEGSQGDIALQLSRPITFSRYIRPICLPAANASFPNGLHCTVT
HP	GWGYIKEDALPSPHTLQEVQVAIINNSMCNHLF-LKYSFRKDIF--GDMVCAGNAQGGK
	***. . .*
PR	GWGHVAPSVSLLTPKPLQQLEVPLISRETCNCLYNIDAKPEEPHFVQEDMVCAGYVEGGK

HP DACFGDSGGPLACNKNGLWYQIGVVSQVGCGRPNRPGVYTNISHHFEWIQKLMAQSGMS

*** *****.* .***** .*.***** .** .***** * . .***.

PR DACQGDSSGGLSCPVEGLWYLTGIVSWG DACGARNRPGVYTLASSYASWISQKVTELQPR

HP QPDPSWPLLLFFLLWALPLLGPV

PR VVPQTQESQPDNLGSHLAFSSAPAQGLLRPILFLPLGLALGLLSPWLSEH

【0050】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA159101）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP10618>（配列番号 7、17、27）

ヒトフィブロサルコマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10618 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、215bp の 5' 非翻訳領域、285bp の ORF、1194bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 94 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定膜貫通ドメインが存在した。図 7 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 9,709 とほぼ同じ 10kDa の翻訳産物が生成した。

【0052】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA287125）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0053】

<HP10619>（配列番号 8、18、28）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10619のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、11bpの5' 非翻訳領域、657bpのORF、854bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは218アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号Z43089）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

<HP10622> (配列番号9、19、29)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10622のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、43bpの5' 非翻訳領域、1383bpのORF、165bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは460アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は17番目のセリンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が4箇所(23番目Asn-Ser-Ser、115番目Asn-Met-Ser、296番目Asn-Glu-Thr、357番目Asn-Tyr-Thr)存在する。

【0056】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトangiopoietin-1 (GenBankアクセション番号U83508)と類似性を有していた。表8に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトan

giopoietin-1 (AN) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって28.2%の相同性を、またC末端側215アミノ酸残基は39.1%の相同性を有していた。

【0057】

【表8】

表8

HP	MFTIKLLLFIVPLVISS
AN MTVFLSFAFLAAILTHIGCSNQRRSPENSGRRYNRIQHGQCAYTFILPEHDGNCRESTD	
HP RIDQDNSSFDLSPEPKSRFAMLDVVKILANGLLQLGHGLKDF-VHKTGQINDIFQKLN	
	** . . . * * . . * . . * * . . .
AN QYNTNALQRDAPHVEPDFSSQKLQHLEHVMENYTQWLQKLENYIVENMKSEMAQI-QQNA	
HP IFDQSFYDLSLQTSEIKEEKELRR-TTYKLQVKNEEVKNMSLELNSKLESLLEEKILLQ	
	. . . * . . ** * . . . ** * . . . * . . . * . . ** **
AN VQNHTATMLEIGTSLLSQTAEQTRKLTQVETQVLNQTSLRLEIQLLENSLSTYKLEKQLLQ	
HP QKVKYLE-EQLTNLIQNQPETPEHPEVTSKTFVEKQDNSIKDLLQTVEDQYKQLNQQHS	
	* . . * . . . * * . . . * . . . * * * . . .
AN QTNEILKIHKNSLLEHKILEMEGKHKEELDTLKEEKEN-LQGLVTRQTYIIQELEKQLN	
HP QIKEIENQLRRTSIQEPTEISLSSKPRAPRTTPFLQLNEIRNVKHDGIPAECTTIYNRGE	
 * . . . * * * *
AN RATTNNSVLQKQQL-ELMDTVHNLVNLCTKEGVLL--KGGKREEEKPF-DCADVYQAGF	
HP HTSGMYAIRPSN-SQVFHVYCDV-ISGSPWTLIQHRIDGSQNFNETWENYKYGFGRDLGE	
	. . ** . * . . . * * * * * . . .
AN NKSGIYTIYINNMPEPKKVFCNMDVNGGGWTVIQHREDGSLDFQRGWKEYKMGFGNPSGE	
HP FWLGLEKIYSIVKQSNYVLRIELEDWKNKHYIEY-SFYLGNETNYTLHLVAITGNVNP	
	. *** * * . . * . . . * * * * *
AN YWLGNEFIFAITSQRQYMLRIELMDWEGNRAYSQYDRFHIGNEKQNYRLYLKGTGTAGK	

HP AIP-ENKDLVFSTWDHKAKGHF-NCPEGYSGGWWHDECGENNLNGKYNKPRAKSKPERR

. *** * * * * *

AN QSSLILHGADFSTKDADNDNCMCKCALMLTGGWWF-DACGPSNLNGMFY--TAGQNHGKL

HP RGLSWKSQNGRLYSIKSTKMLIHPTDSESFE

. * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . . * . .

AN NGIKWHYFKGPSYSLRSTMMIRPLDF

【0058】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R86161）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0059】

<HP10625>（配列番号10、20、30）

ヒト肝臓 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10625 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、133bp の 5' 非翻訳領域、651bp の ORF、465bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 216 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 10 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0060】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R59052）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0061】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞を提供する

。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0062】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Research Center,

Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130> S018185

<160> 30

【0063】

<210> 1

<211> 1445

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Gln Gly Pro Pro Leu Leu Thr Ala Ala His Leu Leu Cys Val Cys

1

5

10

15

Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Pro Gly Pro Arg Phe Leu Val Thr Ala

20

25

30

Pro Gly Ile Ile Arg Pro Gly Gly Asn Val Thr Ile Gly Val Glu Leu

35

40

45

Leu Glu His Cys Pro Ser Gln Val Thr Val Lys Ala Glu Leu Leu Lys
 50 55 60
 Thr Ala Ser Asn Leu Thr Val Ser Val Leu Glu Ala Glu Gly Val Phe
 65 70 75 80
 Glu Lys Gly Ser Phe Lys Thr Leu Thr Leu Pro Ser Leu Pro Leu Asn
 85 90 95
 Ser Ala Asp Glu Ile Tyr Glu Leu Arg Val Thr Gly Arg Thr Gln Asp
 100 105 110
 Glu Ile Leu Phe Ser Asn Ser Thr Arg Leu Ser Phe Glu Thr Lys Arg
 115 120 125
 Ile Ser Val Phe Ile Gln Thr Asp Lys Ala Leu Tyr Lys Pro Lys Gln
 130 135 140
 Glu Val Lys Phe Arg Ile Val Thr Leu Phe Ser Asp Phe Lys Pro Tyr
 145 150 155 160
 Lys Thr Ser Leu Asn Ile Leu Ile Lys Asp Pro Lys Ser Asn Leu Ile
 165 170 175
 Gln Gln Trp Leu Ser Gln Gln Ser Asp Leu Gly Val Ile Ser Lys Thr
 180 185 190
 Phe Gln Leu Ser Ser His Pro Ile Leu Gly Asp Trp Ser Ile Gln Val
 195 200 205
 Gln Val Asn Asp Gln Thr Tyr Tyr Gln Ser Phe Gln Val Ser Glu Tyr
 210 215 220
 Val Leu Pro Lys Phe Glu Val Thr Leu Gln Thr Pro Leu Tyr Cys Ser
 225 230 235 240
 Met Asn Ser Lys His Leu Asn Gly Thr Ile Thr Ala Lys Tyr Thr Tyr
 245 250 255
 Gly Lys Pro Val Lys Gly Asp Val Thr Leu Thr Phe Leu Pro Leu Ser
 260 265 270
 Phe Trp Gly Lys Lys Lys Asn Ile Thr Lys Thr Phe Lys Ile Asn Gly

275	280	285
Ser Ala Asn Phe Ser Phe Asn Asp Glu Glu Met Lys Asn Val Met Asp		
290	295	300
Ser Ser Asn Gly Leu Ser Glu Tyr Leu Asp Leu Ser Phe Pro Gly Pro		
305	310	315 320
Val Glu Ile Leu Thr Thr Val Thr Glu Ser Val Thr Gly Ile Ser Arg		
325	330	335
Asn Val Ser Thr Asn Val Phe Phe Lys Gln His Asp Tyr Ile Ile Glu		
340	345	350
Phe Phe Asp Tyr Thr Thr Val Leu Lys Pro Ser Leu Asn Phe Thr Ala		
355	360	365
Thr Val Lys Val Thr Arg Ala Asp Gly Asn Gln Leu Thr Leu Glu Glu		
370	375	380
Arg Arg Asn Asn Val Val Ile Thr Val Thr Gln Arg Asn Tyr Thr Glu		
385	390	395 400
Tyr Trp Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Gln Lys Met Glu Ala Val Gln		
405	410	415
Lys Ile Asn Tyr Thr Val Pro Gln Ser Gly Thr Phe Lys Ile Glu Phe		
420	425	430
Pro Ile Leu Glu Asp Ser Ser Glu Leu Gln Leu Lys Ala Tyr Phe Leu		
435	440	445
Gly Ser Lys Ser Ser Met Ala Val His Ser Leu Phe Lys Ser Pro Ser		
450	455	460
Lys Thr Tyr Ile Gln Leu Lys Thr Arg Asp Glu Asn Ile Lys Val Gly		
465	470	475 480
Ser Pro Phe Glu Leu Val Val Ser Gly Asn Lys Arg Leu Lys Glu Leu		
485	490	495
Ser Tyr Met Val Val Ser Arg Gly Gln Leu Val Ala Val Gly Lys Gln		
500	505	510

Asn Ser Thr Met Phe Ser Leu Thr Pro Glu Asn Ser Trp Thr Pro Lys			
515	520	525	
Ala Cys Val Ile Val Tyr Tyr Ile Glu Asp Asp Gly Glu Ile Ile Ser			
530	535	540	
Asp Val Leu Lys Ile Pro Val Gln Leu Val Phe Lys Asn Lys Ile Lys			
545	550	555	560
Leu Tyr Trp Ser Lys Val Lys Ala Glu Pro Ser Glu Lys Val Ser Leu			
565	570	575	
Arg Ile Ser Val Thr Gln Pro Asp Ser Ile Val Gly Ile Val Ala Val			
580	585	590	
Asp Lys Ser Val Asn Leu Met Asn Ala Ser Asn Asp Ile Thr Met Glu			
595	600	605	
Asn Val Val His Glu Leu Glu Leu Tyr Asn Thr Gly Tyr Tyr Leu Gly			
610	615	620	
Met Phe Met Asn Ser Phe Ala Val Phe Gln Glu Cys Gly Leu Trp Val			
625	630	635	640
Leu Thr Asp Ala Asn Leu Thr Lys Asp Tyr Ile Asp Gly Val Tyr Asp			
645	650	655	
Asn Ala Glu Tyr Ala Glu Arg Phe Met Glu Glu Asn Glu Gly His Ile			
660	665	670	
Val Asp Ile His Asp Phe Ser Leu Gly Ser Ser Pro His Val Arg Lys			
675	680	685	
His Phe Pro Glu Thr Trp Ile Trp Leu Asp Thr Asn Met Gly Ser Arg			
690	695	700	
Ile Tyr Gln Glu Phe Glu Val Thr Val Pro Asp Ser Ile Thr Ser Trp			
705	710	715	720
Val Ala Thr Gly Phe Val Ile Ser Glu Asp Leu Gly Leu Gly Leu Thr			
725	730	735	
Thr Thr Pro Val Glu Leu Gln Ala Phe Gln Pro Phe Phe Ile Phe Leu			

740	745	750
Asn Leu Pro Tyr Ser Val Ile Arg Gly Glu Glu Phe Ala Leu Glu Ile		
755	760	765
Thr Ile Phe Asn Tyr Leu Lys Asp Ala Thr Glu Val Lys Val Ile Ile		
770	775	780
Glu Lys Ser Asp Lys Phe Asp Ile Leu Met Thr Ser Ser Glu Ile Asn		
785	790	795
Ala Thr Gly His Gln Gln Thr Leu Leu Val Pro Ser Glu Asp Gly Ala		
805	810	815
Thr Val Leu Phe Pro Ile Arg Pro Thr His Leu Gly Glu Ile Pro Ile		
820	825	830
Thr Val Thr Ala Leu Ser Pro Thr Ala Ser Asp Ala Ile Thr Gln Met		
835	840	845
Ile Leu Val Lys Ala Glu Gly Ile Glu Lys Ser Tyr Ser Gln Ser Ile		
850	855	860
Leu Leu Asp Leu Thr Asp Asn Arg Leu Gln Ser Thr Leu Lys Thr Leu		
865	870	875
Ser Phe Ser Phe Pro Pro Asn Thr Val Thr Gly Ser Glu Arg Val Gln		
885	890	895
Ile Thr Ala Ile Gly Asp Val Leu Gly Pro Ser Ile Asn Gly Leu Ala		
900	905	910
Ser Leu Ile Arg Met Pro Tyr Gly Cys Gly Glu Gln Asn Met Ile Asn		
915	920	925
Phe Ala Pro Asn Ile Tyr Ile Leu Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Lys Gln		
930	935	940
Leu Thr Asp Asn Leu Lys Glu Lys Ala Leu Ser Phe Met Arg Gln Gly		
945	950	955
Tyr Gln Arg Glu Leu Leu Tyr Gln Arg Glu Asp Gly Ser Phe Ser Ala		
965	970	975

Phe Gly Asn Tyr Asp Pro Ser Gly Ser Thr Trp Leu Ser Ala Phe Val			
980	985	990	
Leu Arg Cys Phe Leu Glu Ala Asp Pro Tyr Ile Asp Ile Asp Gln Asn			
995	1000	1005	
Val Leu His Arg Thr Tyr Thr Trp Leu Lys Gly His Gln Lys Ser Asn			
1010	1015	1020	
Gly Glu Phe Trp Asp Pro Gly Arg Val Ile His Ser Glu Leu Gln Gly			
1025	1030	1035	1040
Gly Asn Lys Ser Pro Val Thr Leu Thr Ala Tyr Ile Val Thr Ser Leu			
1045	1050	1055	
Leu Gly Tyr Arg Lys Tyr Gln Pro Asn Ile Asp Val Gln Glu Ser Ile			
1060	1065	1070	
His Phe Leu Glu Ser Glu Phe Ser Arg Gly Ile Ser Asp Asn Tyr Thr			
1075	1080	1085	
Leu Ala Leu Ile Thr Tyr Ala Leu Ser Ser Val Gly Ser Pro Lys Ala			
1090	1095	1100	
Lys Glu Ala Leu Asn Met Leu Thr Trp Arg Ala Glu Gln Glu Gly Gly			
1105	1110	1115	1120
Met Gln Phe Trp Val Ser Ser Glu Ser Lys Leu Ser Asp Ser Trp Gln			
1125	1130	1135	
Pro Arg Ser Leu Asp Ile Glu Val Ala Ala Tyr Ala Leu Leu Ser His			
1140	1145	1150	
Phe Leu Gln Phe Gln Thr Ser Glu Gly Ile Pro Ile Met Arg Trp Leu			
1155	1160	1165	
Ser Arg Gln Arg Asn Ser Leu Gly Gly Phe Ala Ser Thr Gln Asp Thr			
1170	1175	1180	
Thr Val Ala Leu Lys Ala Leu Ser Glu Phe Ala Ala Leu Met Asn Thr			
1185	1190	1195	1200
Glu Arg Thr Asn Ile Gln Val Thr Val Thr Gly Pro Ser Ser Pro Ser			

1205	1210	1215	
Pro Val Lys Phe Leu Ile Asp Thr His Asn Arg Leu Leu Leu Gln Thr			
1220	1225	1230	
Ala Glu Leu Ala Val Val Gln Pro Thr Ala Val Asn Ile Ser Ala Asn			
1235	1240	1245	
Gly Phe Gly Phe Ala Ile Cys Gln Leu Asn Val Val Tyr Asn Val Lys			
1250	1255	1260	
Ala Ser Gly Ser Ser Arg Arg Arg Arg Ser Ile Gln Asn Gln Glu Ala			
1265	1270	1275	1280
Phe Asp Leu Asp Val Ala Val Lys Glu Asn Lys Asp Asp Leu Asn His			
1285	1290	1295	
Val Asp Leu Asn Val Cys Thr Ser Phe Ser Gly Pro Gly Arg Ser Gly			
1300	1305	1310	
Met Ala Leu Met Glu Val Asn Leu Leu Ser Gly Phe Met Val Pro Ser			
1315	1320	1325	
Glu Ala Ile Ser Leu Ser Glu Thr Val Lys Lys Val Glu Tyr Asp His			
1330	1335	1340	
Gly Lys Leu Asn Leu Tyr Leu Asp Ser Val Asn Glu Thr Gln Phe Cys			
1345	1350	1355	1360
Val Asn Ile Pro Ala Val Arg Asn Phe Lys Val Ser Asn Thr Gln Asp			
1365	1370	1375	
Ala Ser Val Ser Ile Val Asp Tyr Tyr Glu Pro Arg Arg Gln Ala Val			
1380	1385	1390	
Arg Ser Tyr Asn Ser Glu Val Lys Leu Ser Ser Cys Asp Leu Cys Ser			
1395	1400	1405	
Asp Val Gln Gly Cys Arg Pro Cys Glu Asp Gly Ala Ser Gly Ser His			
1410	1415	1420	
His His Ser Ser Val Ile Phe Ile Phe Cys Phe Lys Leu Leu Tyr Phe			
1425	1430	1435	1440

Met Glu Leu Trp Leu

1445

【0064】

<210> 2

<211> 582

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met Phe Pro Ala Gly Pro Pro Ser His Ser Leu Leu Arg Leu Pro Leu

1 5 10 15

Leu Gln Leu Leu Leu Leu Val Val Gln Ala Val Gly Arg Gly Leu Gly

20 25 30

Arg Ala Ser Pro Ala Gly Gly Pro Leu Glu Asp Val Val Ile Glu Arg

35 40 45

Tyr His Ile Pro Arg Ala Cys Pro Arg Glu Val Gln Met Gly Asp Phe

50 55 60

Val Arg Tyr His Tyr Asn Gly Thr Phe Glu Asp Gly Lys Lys Phe Asp

65 70 75 80

Ser Ser Tyr Asp Arg Asn Thr Leu Val Ala Ile Val Val Gly Val Gly

85 90 95

Arg Leu Ile Thr Gly Met Asp Arg Gly Leu Met Gly Met Cys Val Asn

100 105 110

Glu Arg Arg Arg Leu Ile Val Pro Pro His Leu Gly Tyr Gly Ser Ile

115 120 125

Gly Leu Ala Gly Leu Ile Pro Pro Asp Ala Thr Leu Tyr Phe Asp Val

130 135 140

Val Leu Leu Asp Val Trp Asn Lys Glu Asp Thr Val Gln Val Ser Thr

145 150 155 160

Leu Leu Arg Pro Pro His Cys Pro Arg Met Val Gln Asp Gly Asp Phe

165	170	175
Val Arg Tyr His Tyr Asn Gly Thr	Leu Leu Asp Gly Thr Ser Phe Asp	
180	185	190
Thr Ser Tyr Ser Lys Gly Gly Thr Tyr Asp Thr Tyr Val Gly Ser Gly		
195	200	205
Trp Leu Ile Lys Gly Met Asp Gln Gly Leu Leu Gly Met Cys Pro Gly		
210	215	220
Glu Arg Arg Lys Ile Ile Ile Pro Pro Phe Leu Ala Tyr Gly Glu Lys		
225	230	235
Gly Tyr Gly Thr Val Ile Pro Pro Gln Ala Ser Leu Val Phe His Val		
245	250	255
Leu Leu Ile Asp Val His Asn Pro Lys Asp Ala Val Gln Leu Glu Thr		
260	265	270
Leu Glu Leu Pro Pro Gly Cys Val Arg Arg Ala Gly Ala Gly Asp Phe		
275	280	285
Met Arg Tyr His Tyr Asn Gly Ser Leu Met Asp Gly Thr Leu Phe Asp		
290	295	300
Ser Ser Tyr Ser Arg Asn His Thr Tyr Asn Thr Tyr Ile Gly Gln Gly		
305	310	315
Tyr Ile Ile Pro Gly Met Asp Gln Gly Leu Gln Gly Ala Cys Met Gly		
325	330	335
Glu Arg Arg Arg Ile Thr Ile Pro Pro His Leu Ala Tyr Gly Glu Asn		
340	345	350
Gly Thr Gly Asp Lys Ile Pro Gly Ser Ala Val Leu Ile Phe Asn Val		
355	360	365
His Val Ile Asp Phe His Asn Pro Ala Asp Val Val Glu Ile Arg Thr		
370	375	380
Leu Ser Arg Pro Ser Glu Thr Cys Asn Glu Thr Thr Lys Leu Gly Asp		
385	390	395
		400

Phe Val Arg Tyr His Tyr Asn Cys Ser Leu Leu Asp Gly Thr Gln Leu

405

410

415

Phe Thr Ser His Asp Tyr Gly Ala Pro Gln Glu Ala Thr Leu Gly Ala

420

425

430

Asn Lys Val Ile Glu Gly Leu Asp Thr Gly Leu Gln Gly Met Cys Val

435

440

445

Gly Glu Arg Arg Gln Leu Ile Val Pro Pro His Leu Ala His Gly Glu

450

455

460

Ser Gly Ala Arg Gly Val Pro Gly Ser Ala Val Leu Leu Phe Glu Val

465

470

475

480

Glu Leu Val Ser Arg Glu Asp Gly Leu Pro Thr Gly Tyr Leu Phe Val

485

490

495

Trp His Lys Asp Pro Pro Ala Asn Leu Phe Glu Asp Met Asp Leu Asn

500

505

510

Lys Asp Gly Glu Val Pro Pro Glu Glu Phe Ser Thr Phe Ile Lys Ala

515

520

525

Gln Val Ser Glu Gly Lys Gly Arg Leu Met Pro Gly Gln Asp Pro Glu

530

535

540

Lys Thr Ile Gly Asp Met Phe Gln Asn Gln Asp Arg Asn Gln Asp Gly

545

550

555

560

Lys Ile Thr Val Asp Glu Leu Lys Leu Lys Ser Asp Glu Asp Glu Glu

565

570

575

Arg Val His Glu Glu Leu

580

[0 0 6 5]

<210> 3

<211> 410

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met	Glu	Leu	Pro	Ser	Gly	Pro	Gly	Pro	Glu	Arg	Leu	Phe	Asp	Ser	His
1				5					10					15	
Arg	Leu	Pro	Gly	Asp	Cys	Phe	Leu	Leu	Leu	Val	Leu	Leu	Leu	Tyr	Ala
			20						25					30	
Pro	Val	Gly	Phe	Cys	Leu	Leu	Val	Leu	Arg	Leu	Phe	Leu	Gly	Ile	His
			35						40					45	
Val	Phe	Leu	Val	Ser	Cys	Ala	Leu	Pro	Asp	Ser	Val	Leu	Arg	Arg	Phe
		50					55						60		
Val	Val	Arg	Thr	Met	Cys	Ala	Val	Leu	Gly	Leu	Val	Ala	Arg	Gln	Glu
		65				70				75				80	
Asp	Ser	Gly	Leu	Arg	Asp	His	Ser	Val	Arg	Val	Leu	Ile	Ser	Asn	His
				85					90					95	
Val	Thr	Pro	Phe	Asp	His	Asn	Ile	Val	Asn	Leu	Leu	Thr	Thr	Cys	Ser
			100						105					110	
Thr	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	Pro	Pro	Ser	Phe	Val	Cys	Trp	Ser	Arg	Gly
			115						120					125	
Phe	Met	Glu	Met	Asn	Gly	Arg	Gly	Glu	Leu	Val	Glu	Ser	Leu	Lys	Arg
		130				135							140		
Phe	Cys	Ala	Ser	Thr	Arg	Leu	Pro	Pro	Thr	Pro	Leu	Leu	Leu	Phe	Pro
		145				150				155				160	
Glu	Glu	Glu	Ala	Thr	Asn	Gly	Arg	Glu	Gly	Leu	Leu	Arg	Phe	Ser	Ser
			165						170					175	
Trp	Pro	Phe	Ser	Ile	Gln	Asp	Val	Val	Gln	Pro	Leu	Thr	Leu	Gln	Val
			180						185					190	
Gln	Arg	Pro	Leu	Val	Ser	Val	Thr	Val	Ser	Asp	Ala	Ser	Trp	Val	Ser
			195						200					205	
Glu	Leu	Leu	Trp	Ser	Leu	Phe	Val	Pro	Phe	Thr	Val	Tyr	Gln	Val	Arg
			210						215					220	

Trp Leu Arg Pro Val His Arg Gln Leu Gly Glu Ala Asn Glu Glu Phe
 225 230 235 240
 Ala Leu Arg Val Gln Gln Leu Val Ala Lys Glu Leu Gly Gln Thr Gly
 245 250 255
 Thr Arg Leu Thr Pro Ala Asp Lys Ala Glu His Met Lys Arg Gln Arg
 260 265 270
 His Pro Arg Leu Arg Pro Gln Ser Ala Gln Ser Ser Phe Pro Pro Ser
 275 280 285
 Pro Gly Pro Ser Pro Asp Val Gln Leu Ala Thr Leu Ala Gln Arg Val
 290 295 300
 Lys Glu Val Leu Pro His Val Pro Leu Gly Val Ile Gln Arg Asp Leu
 305 310 315 320
 Ala Lys Thr Gly Cys Val Asp Leu Thr Ile Thr Asn Leu Leu Glu Gly
 325 330 335
 Ala Val Ala Phe Met Pro Glu Asp Ile Thr Lys Gly Thr Gln Ser Leu
 340 345 350
 Pro Thr Ala Ser Ala Ser Lys Phe Pro Ser Ser Gly Pro Val Thr Pro
 355 360 365
 Gln Pro Thr Ala Leu Thr Phe Ala Lys Ser Ser Trp Ala Arg Gln Glu
 370 375 380
 Ser Leu Gln Glu Arg Lys Gln Ala Leu Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg Arg
 385 390 395 400
 Phe Thr Glu Arg Arg Ala Gln Glu Ala Asp
 405 410

[0 0 6 6]

<210> 4

<211> 483

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met Glu Glu Gly Gly Gly Gly Val Arg Ser Leu Val Pro Gly Gly Pro
 1 5 10 15
 Val Leu Leu Val Leu Cys Gly Leu Leu Glu Ala Ser Gly Gly Gly Arg
 20 25 30
 Ala Leu Pro Gln Leu Ser Asp Asp Ile Pro Phe Arg Val Asn Trp Pro
 35 40 45
 Gly Thr Glu Phe Ser Leu Pro Thr Thr Gly Val Leu Tyr Lys Glu Asp
 50 55 60
 Asn Tyr Val Ile Met Thr Thr Ala His Lys Glu Lys Tyr Lys Cys Ile
 65 70 75 80
 Leu Pro Leu Val Thr Ser Gly Asp Glu Glu Glu Glu Lys Asp Tyr Lys
 85 90 95
 Gly Pro Asn Pro Arg Glu Leu Leu Glu Pro Leu Phe Lys Gln Ser Ser
 100 105 110
 Cys Ser Tyr Arg Ile Glu Ser Tyr Trp Thr Tyr Glu Val Cys His Gly
 115 120 125
 Lys His Ile Arg Gln Tyr His Glu Glu Lys Glu Thr Gly Gln Lys Ile
 130 135 140
 Asn Ile His Glu Tyr Tyr Leu Gly Asn Met Leu Ala Lys Asn Leu Leu
 145 150 155 160
 Phe Glu Lys Glu Arg Glu Ala Glu Glu Lys Glu Lys Ser Asn Glu Ile
 165 170 175
 Pro Thr Lys Asn Ile Glu Gly Gln Met Thr Pro Tyr Tyr Pro Val Gly
 180 185 190
 Met Gly Asn Gly Thr Pro Cys Ser Leu Lys Gln Asn Arg Pro Arg Ser
 195 200 205
 Ser Thr Val Met Tyr Ile Cys His Pro Glu Ser Lys His Glu Ile Leu
 210 215 220

Ser Val Ala Glu Val Thr Thr Cys Glu Tyr Glu Val Val Ile Leu Thr
 225 230 235 240
 Pro Leu Leu Cys Ser His Pro Lys Tyr Arg Phe Arg Ala Ser Pro Val
 245 250 255
 Asn Asp Ile Phe Cys Gln Ser Leu Pro Gly Ser Pro Phe Lys Pro Leu
 260 265 270
 Thr Leu Arg Gln Leu Glu Gln Gln Glu Glu Ile Leu Arg Val Pro Phe
 275 280 285
 Arg Arg Asn Lys Glu Glu Asp Leu Gln Ser Thr Lys Glu Glu Arg Phe
 290 295 300
 Pro Ala Ile His Lys Ser Ile Ala Ile Gly Ser Gln Pro Val Leu Thr
 305 310 315 320
 Val Gly Thr Thr His Ile Ser Lys Leu Thr Asp Asp Gln Leu Ile Lys
 325 330 335
 Glu Phe Leu Ser Gly Ser Tyr Cys Phe Arg Gly Gly Val Gly Trp Trp
 340 345 350
 Lys Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Lys His Val His Gln Tyr His Glu Asp
 355 360 365
 Lys Asp Ser Gly Lys Thr Ser Val Val Val Gly Thr Trp Asn Gln Glu
 370 375 380
 Glu His Ile Glu Trp Ala Lys Lys Asn Thr Ala Arg Ala Tyr His Leu
 385 390 395 400
 Gln Asp Asp Gly Thr Gln Thr Val Arg Met Val Ser His Phe Tyr Gly
 405 410 415
 Asn Gly Asp Ile Cys Asp Ile Thr Asp Lys Pro Arg Gln Val Thr Val
 420 425 430
 Lys Leu Lys Cys Lys Glu Ser Asp Ser Pro His Ala Val Thr Val Tyr
 435 440 445
 Met Leu Glu Pro His Ser Cys Gln Tyr Ile Leu Gly Val Glu Ser Pro

450 455 460
Val Ile Cys Lys Ile Leu Asp Thr Ala Asp Glu Asn Gly Leu Leu Ser
465 470 475 480
Leu Pro Asn
【0 0 6 7】
<210> 5
<211> 607
<212> PRT
<213> Homo sapience
<400> 5
Met Gly Phe Glu Glu Leu Leu Glu Gln Val Gly Gly Phe Gly Pro Phe
1 5 10 15
Gln Leu Arg Asn Val Ala Leu Leu Ala Leu Pro Arg Val Leu Leu Pro
20 25 30
Leu His Phe Leu Leu Pro Ile Phe Leu Ala Ala Val Pro Ala His Arg
35 40 45
Cys Ala Leu Pro Gly Ala Pro Ala Asn Phe Ser His Gln Asp Val Trp
50 55 60
Leu Glu Ala His Leu Pro Arg Glu Pro Asp Gly Thr Leu Ser Ser Cys
65 70 75 80
Leu Arg Phe Ala Tyr Pro Gln Ala Leu Pro Asn Thr Thr Leu Gly Glu
85 90 95
Glu Arg Gln Ser Arg Gly Glu Leu Glu Asp Glu Pro Ala Thr Val Pro
100 105 110
Cys Ser Gln Gly Trp Glu Tyr Asp His Ser Glu Phe Ser Ser Thr Ile
115 120 125
Ala Thr Glu Ser Gln Val Gly Ile Tyr Ile Ile His Leu Glu Val Glu
130 135 140
Cys Arg Trp Arg Gln Ser Pro Trp Glu Ala Ala Gly Arg Gly Leu Pro

145	150	155	160
Trp Glu Glu Ala Glu Ala Ala Gly Leu Gly Arg Asp Lys Val Ser Tyr			
	165	170	175
Ser Pro Ser Trp Arg Glu Ser Leu Gly Gly Leu Leu Ser Gly Met Glu			
	180	185	190
Trp Asp Leu Val Cys Glu Gln Lys Gly Leu Asn Arg Ala Ala Ser Thr			
	195	200	205
Phe Phe Phe Ala Gly Val Leu Val Gly Ala Val Ala Phe Gly Tyr Leu			
	210	215	220
Ser Asp Arg Phe Gly Arg Arg Arg Leu Leu Leu Val Ala Tyr Val Ser			
225	230	235	240
Thr Leu Val Leu Gly Leu Ala Ser Ala Ala Ser Val Ser Tyr Val Met			
	245	250	255
Phe Ala Ile Thr Arg Thr Leu Thr Gly Ser Ala Leu Ala Gly Phe Thr			
	260	265	270
Ile Ile Val Met Pro Leu Glu Leu Glu Trp Leu Asp Val Glu His Arg			
	275	280	285
Thr Val Ala Gly Val Leu Ser Ser Thr Phe Trp Thr Gly Gly Val Met			
	290	295	300
Leu Leu Ala Leu Val Gly Tyr Leu Ile Arg Asp Trp Arg Trp Leu Leu			
305	310	315	320
Leu Ala Val Thr Leu Pro Cys Ala Pro Gly Ile Leu Ser Leu Trp Trp			
	325	330	335
Val Pro Glu Ser Ala Arg Trp Leu Leu Thr Gln Gly His Val Lys Glu			
	340	345	350
Ala His Arg Tyr Leu Leu His Cys Ala Arg Leu Asn Gly Arg Pro Val			
	355	360	365
Cys Glu Asp Ser Phe Ser Gln Glu Ala Val Ser Lys Val Ala Ala Gly			
	370	375	380

Glu Arg Val Val Arg Arg Pro Ser Tyr Leu Asp Leu Phe Arg Thr Pro
 385 390 395 400
 Arg Leu Arg His Ile Ser Leu Cys Cys Val Val Val Trp Phe Gly Val
 405 410 415
 Asn Phe Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Leu Asp Val Ser Gly Leu Gly Leu
 420 425 430
 Asn Val Tyr Gln Thr Gln Leu Leu Phe Gly Ala Val Glu Leu Pro Ser
 435 440 445
 Lys Leu Leu Val Tyr Leu Ser Val Arg Tyr Ala Gly Arg Arg Leu Thr
 450 455 460
 Gln Ala Gly Thr Leu Leu Gly Thr Ala Leu Ala Phe Gly Thr Arg Leu
 465 470 475 480
 Leu Val Ser Ser Asp Met Lys Ser Trp Ser Thr Val Leu Ala Val Met
 485 490 495
 Gly Lys Ala Phe Ser Glu Ala Ala Phe Thr Thr Ala Tyr Leu Phe Thr
 500 505 510
 Ser Glu Leu Tyr Pro Thr Val Leu Arg Gln Thr Gly Met Gly Leu Thr
 515 520 525
 Ala Leu Val Gly Arg Leu Gly Gly Ser Leu Ala Pro Leu Ala Ala Leu
 530 535 540
 Leu Asp Gly Val Trp Leu Ser Leu Pro Lys Leu Thr Tyr Gly Gly Ile
 545 550 555 560
 Ala Leu Leu Ala Ala Gly Thr Ala Leu Leu Leu Pro Glu Thr Arg Gln
 565 570 575
 Ala Gln Leu Pro Glu Thr Ile Gln Asp Val Glu Arg Lys Ser Ala Pro
 580 585 590
 Thr Ser Leu Gln Glu Glu Glu Met Pro Met Lys Gln Val Gln Asn
 595 600 605

【0068】

<210> 6

<211> 314

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Gly Ala Arg Gly Ala Leu Leu Leu Ala Leu Leu Leu Ala Arg Ala

1 5 10 15

Gly Leu Arg Lys Pro Glu Ser Gln Glu Ala Ala Pro Leu Ser Gly Pro

20 25 30

Cys Gly Arg Arg Val Ile Thr Ser Arg Ile Val Gly Gly Glu Asp Ala

35 40 45

Glu Leu Gly Arg Trp Pro Trp Gln Gly Ser Leu Arg Leu Trp Asp Ser

50 55 60

His Val Cys Gly Val Ser Leu Leu Ser His Arg Trp Ala Leu Thr Ala

65 70 75 80

Ala His Cys Phe Glu Thr Tyr Ser Asp Leu Ser Asp Pro Ser Gly Trp

85 90 95

Met Val Gln Phe Gly Gln Leu Thr Ser Met Pro Ser Phe Trp Ser Leu

100 105 110

Gln Ala Tyr Tyr Thr Arg Tyr Phe Val Ser Asn Ile Tyr Leu Ser Pro

115 120 125

Arg Tyr Leu Gly Asn Ser Pro Tyr Asp Ile Ala Leu Val Lys Leu Ser

130 135 140

Ala Pro Val Thr Tyr Thr Lys His Ile Gln Pro Ile Cys Leu Gln Ala

145 150 155 160

Ser Thr Phe Glu Phe Glu Asn Arg Thr Asp Cys Trp Val Thr Gly Trp

165 170 175

Gly Tyr Ile Lys Glu Asp Glu Ala Leu Pro Ser Pro His Thr Leu Gln

180 185 190

Glu Val Gln Val Ala Ile Ile Asn Asn Ser Met Cys Asn His Leu Phe
 195 200 205
 Leu Lys Tyr Ser Phe Arg Lys Asp Ile Phe Gly Asp Met Val Cys Ala
 210 215 220
 Gly Asn Ala Gln Gly Gly Lys Asp Ala Cys Phe Gly Asp Ser Gly Gly
 225 230 235 240
 Pro Leu Ala Cys Asn Lys Asn Gly Leu Trp Tyr Gln Ile Gly Val Val
 245 250 255
 Ser Trp Gly Val Gly Cys Gly Arg Pro Asn Arg Pro Gly Val Tyr Thr
 260 265 270
 Asn Ile Ser His His Phe Glu Trp Ile Gln Lys Leu Met Ala Gln Ser
 275 280 285
 Gly Met Ser Gln Pro Asp Pro Ser Trp Pro Leu Leu Phe Phe Pro Leu
 290 295 300
 Leu Trp Ala Leu Pro Leu Leu Gly Pro Val
 305 310

【0 0 6 9】

<210> 7

<211> 94

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Met Glu Leu Ser Asp Val Thr Leu Ile Glu Gly Val Gly Asn Glu Val
 1 5 10 15
 Met Val Val Ala Gly Val Val Val Leu Ile Leu Ala Leu Val Leu Ala
 20 25 30
 Trp Leu Ser Thr Tyr Val Ala Asp Ser Gly Ser Asn Gln Leu Leu Gly
 35 40 45
 Ala Ile Val Ser Ala Gly Asp Thr Ser Val Leu His Leu Gly His Val

50 55 60
 Asp His Leu Val Ala Gly Gln Gly Asn Pro Glu Pro Thr Glu Leu Pro
 65 70 75 80
 His Pro Ser Glu Ala Asn Thr Ser Leu Asp Lys Lys Ala Arg

85 90

[0070]

<210> 8

<211> 218

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 8

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu Ile Met
 1 5 10 15
 Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly Cys Phe
 20 25 30
 Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg Lys Pro
 35 40 45
 Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala Val Leu
 50 55 60
 Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe Ala Leu
 65 70 75 80
 Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr Ile Gly
 85 90 95
 Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr Ser Arg
 100 105 110
 Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Leu Ser Cys Val Gly Gln Arg Cys Trp
 115 120 125
 Gly Ala Val Pro Pro Glu Thr Ser Gln Pro Leu Pro Ala Val His Arg
 130 135 140

Pro Gly Val Pro Gly Tyr Leu Pro His Leu Cys Gly Leu Leu Thr Ala
 145 150 155 160
 Ala Gln Gln Gly Gly Pro Ala Gly Val Ser Glu Pro Ser Pro Arg Arg
 165 170 175
 Gly Ala Asp Asp Pro Ala Val Leu Arg Ala Val Trp His Pro Gly Pro
 180 185 190
 Gly Leu Ser Val Arg Leu Leu Arg Asp Pro Arg Cys Pro Asp Pro Gly
 195 200 205
 Cys Thr Ala Ala Pro Cys His Ala Ala His
 210 215
 【0071】
 <210> 9
 <211> 460
 <212> PRT
 <213> Homo sapience
 <400> 9
 Met Phe Thr Ile Lys Leu Leu Leu Phe Ile Val Pro Leu Val Ile Ser
 1 5 10 15
 Ser Arg Ile Asp Gln Asp Asn Ser Ser Phe Asp Ser Leu Ser Pro Glu
 20 25 30
 Pro Lys Ser Arg Phe Ala Met Leu Asp Asp Val Lys Ile Leu Ala Asn
 35 40 45
 Gly Leu Leu Gln Leu Gly His Gly Leu Lys Asp Phe Val His Lys Thr
 50 55 60
 Lys Gly Gln Ile Asn Asp Ile Phe Gln Lys Leu Asn Ile Phe Asp Gln
 65 70 75 80
 Ser Phe Tyr Asp Leu Ser Leu Gln Thr Ser Glu Ile Lys Glu Glu Glu
 85 90 95
 Lys Glu Leu Arg Arg Thr Thr Tyr Lys Leu Gln Val Lys Asn Glu Glu

100	105	110	
Val Lys Asn Met Ser Leu Glu Leu Asn Ser Lys Leu Glu Ser Leu Leu			
115	120	125	
Glu Glu Lys Ile Leu Leu Gln Gln Lys Val Lys Tyr Leu Glu Glu Gln			
130	135	140	
Leu Thr Asn Leu Ile Gln Asn Gln Pro Glu Thr Pro Glu His Pro Glu			
145	150	155	160
Val Thr Ser Leu Lys Thr Phe Val Glu Lys Gln Asp Asn Ser Ile Lys			
165	170	175	
Asp Leu Leu Gln Thr Val Glu Asp Gln Tyr Lys Gln Leu Asn Gln Gln			
180	185	190	
His Ser Gln Ile Lys Glu Ile Glu Asn Gln Leu Arg Arg Thr Ser Ile			
195	200	205	
Gln Glu Pro Thr Glu Ile Ser Leu Ser Ser Lys Pro Arg Ala Pro Arg			
210	215	220	
Thr Thr Pro Phe Leu Gln Leu Asn Glu Ile Arg Asn Val Lys His Asp			
225	230	235	240
Gly Ile Pro Ala Glu Cys Thr Thr Ile Tyr Asn Arg Gly Glu His Thr			
245	250	255	
Ser Gly Met Tyr Ala Ile Arg Pro Ser Asn Ser Gln Val Phe His Val			
260	265	270	
Tyr Cys Asp Val Ile Ser Gly Ser Pro Trp Thr Leu Ile Gln His Arg			
275	280	285	
Ile Asp Gly Ser Gln Asn Phe Asn Glu Thr Trp Glu Asn Tyr Lys Tyr			
290	295	300	
Gly Phe Gly Arg Leu Asp Gly Glu Phe Trp Leu Gly Leu Glu Lys Ile			
305	310	315	320
Tyr Ser Ile Val Lys Gln Ser Asn Tyr Val Leu Arg Ile Glu Leu Glu			
325	330	335	

Asp Trp Lys Asp Asn Lys His Tyr Ile Glu Tyr Ser Phe Tyr Leu Gly
340 345 350

Asn His Glu Thr Asn Tyr Thr Leu His Leu Val Ala Ile Thr Gly Asn
355 360 365

Val Pro Asn Ala Ile Pro Glu Asn Lys Asp Leu Val Phe Ser Thr Trp
370 375 380

Asp His Lys Ala Lys Gly His Phe Asn Cys Pro Glu Gly Tyr Ser Gly
385 390 395 400

Gly Trp Trp Trp His Asp Glu Cys Gly Glu Asn Asn Leu Asn Gly Lys
405 410 415

Tyr Asn Lys Pro Arg Ala Lys Ser Lys Pro Glu Arg Arg Arg Gly Leu
420 425 430

Ser Trp Lys Ser Gln Asn Gly Arg Leu Tyr Ser Ile Lys Ser Thr Lys
435 440 445

Met Leu Ile His Pro Thr Asp Ser Glu Ser Phe Glu
450 455 460

[0072]

<210> 10

<211> 216

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met Val Pro Met His Leu Leu Gly Arg Leu Glu Lys Pro Leu Leu Leu
1 5 10 15

Leu Cys Cys Ala Ser Phe Leu Leu Gly Leu Ala Leu Leu Gly Ile Lys
20 25 30

Thr Asp Ile Thr Pro Val Ala Tyr Phe Phe Leu Thr Leu Gly Gly Phe
35 40 45

Phe Leu Phe Ala Tyr Leu Leu Val Arg Phe Leu Glu Trp Gly Leu Arg

50	55	60
Ser Gln Leu Gln Ser Met Gln Thr Glu Ser Pro Gly Pro Ser Gly Asn		
65	70	75
Ala Arg Asp Asn Glu Ala Phe Glu Val Pro Val Tyr Glu Glu Ala Val		80
85	90	95
Val Gly Leu Glu Ser Gln Cys Arg Pro Gln Glu Leu Asp Gln Pro Pro		
100	105	110
Pro Tyr Ser Thr Val Val Ile Pro Pro Ala Pro Glu Glu Glu Gln Pro		
115	120	125
Ser His Pro Glu Gly Ser Arg Arg Ala Lys Leu Glu Gln Arg Arg Met		
130	135	140
Ala Ser Glu Gly Ser Met Ala Gln Glu Gly Ser Pro Gly Arg Ala Pro		
145	150	155
Ile Asn Leu Arg Leu Arg Gly Pro Arg Ala Val Ser Thr Ala Pro Asp		160
165	170	175
Leu Gln Ser Leu Ala Ala Val Pro Thr Leu Glu Pro Leu Thr Pro Pro		
180	185	190
Pro Ala Tyr Asp Val Cys Phe Gly His Pro Asp Asp Asp Ser Val Phe		
195	200	205
Tyr Glu Asp Asn Trp Ala Pro Pro		
210	215	

[0 0 7 3]

<210> 11

<211> 4335

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atgcagggcc caccgtcct gaccgccgc cactcctct gcgtgtgcac cgccgcgctg	60
gccgtggctc ccgggcctcg gtttctggtg acagccccag ggatcatcag gcccgagga	120

aatgtgacta ttgggggtgga gcttctggaa cactgccctt cacaggtgac tgtgaaggcg	180
gagctgctca agacagcatc aaacctcact gtctctgtcc tggaagcaga aggagtcttt	240
gaaaaaggct cttttaagac acttactctt ccatcactac ctctgaacag tgcagatgag	300
atttatgagc tacgtgtaac cggacgtacc caggatgaga ttttattctc taatagtacc	360
cgcttatcat ttgagaccaa gagaatatct gtcttcattc aaacagacaa ggccttatac	420
aagccaaagc aagaagtga gtttcgcatt gttacactct tctcagattt taagccttac	480
aaaacctctt taaacattct cattaaggac cccaaatcaa atttgatcca acagtgggtg	540
tcacaacaaa gtgatcttgg agtcatttcc aaaacttttc agctatcttc ccatccaata	600
cttggtgact ggctatttca agttcaagtg aatgaccaga catattatca atcatttcag	660
gtttcagaat atgtattacc aaaatttgaa gtgactttgc agacaccatt atattgttct	720
atgaattcta agcattttaa tggatccatc acggcaaagt atacatatgg gaagccagtg	780
aaaggagacg taacgcttac atttttacct ttatcctttt ggggaaagaa gaaaaatatt	840
acaaaaacat ttaagataaa tggatctgca aacttctctt ttaatgatga agagatgaaa	900
aatgtaatgg attcttcaaa tggactttct gaatacctgg atctatcttt ccctggacca	960
gtagaaattt taaccacagt gacagaatca gttacaggta tttcaagaaa tgtaagcact	1020
aatgtgttct tcaagcaaca tgattacatc attgagtttt ttgattatac tactgtcttg	1080
aagccatctc tcaacttcac agccactgtg aaggtaactc gtgctgatgg caaccaactg	1140
actcttgaag aaagaagaaa taatgtagtc ataacagtga cacagagaaa ctatactgag	1200
tactggagcg gatctaacag tggaaatcag aaaatggaag ctgttcagaa aataaattat	1260
actgtccccc aaagtggaac ttttaagatt gaattcccaa tccctggagga ttccagtgag	1320
ctacagtiga aggcctatct ccttggtagt aaaagtagca tggcagttca tagtctgttt	1380
aagtctccta gtaagacata catccaacta aaaacaagag atgaaaatat aaaggtggga	1440
tgccttttg agttgggtgt tagtggcaac aaacgattga aggagttaag ctatatggta	1500
gtatccaggg gacagttggt ggctgtagga aaacaaaatt caacaatgtt ctctttaaca	1560
ccagaaaatt ctggactcc aaaagcctgt gtaatttgtt attatatga agatgatggg	1620
gaaattataa gtgatgttct aaaaattcct gttcagcttg tttttaaaaa taagataaag	1680
ctatatggga gtaaagtga agctgaacca tctgagaaag tctctcttag gatctctgtg	1740
acacagcctg actccatagt tgggattgta gctgttgaca aaagtgtgaa tctgatgaat	1800
gccictaatg atattacaat ggaaaatgtg gtccatgagt tggaacttta taacacagga	1860

tattatttag gcatgttcat gaattctttt gcagtccttc aggaatgtgg actctgggta	1920
ttgacagatg caaacctcac gaaggattat attgatgggtg tttatgacaa tgcagaatat	1980
gctgagaggt ttatggagga aaatgaagga catattgtag atattcatga cttttctttg	2040
ggtagcagtc cacatgtccg aaagcatttt ccagagactt ggatttggct agacaccaac	2100
atgggticca ggatttacca agaatttgaa gtaactgtac ctgattctat cacttcttgg	2160
gtggctactg gttttgtgat ccttgaggac ctgggtcttg gactaacaac tactccagtg	2220
gagctccaag ccttccaacc atttttcatt tttttgaatc ttcctactc tgttatcaga	2280
ggtaagaat ttgctttgga aataactata ttcaattatt tgaaagatgc cactgaggtt	2340
aaggtaatca ttgagaaaag tgacaaattt gatattctaa tgacttcaag tgaaataaat	2400
gccacaggcc accagcagac ccttctgggt cccagtggag atggggcaac tgttcttttt	2460
cccatcaggc caacacatct gggagaaatt cctatcacag tcacagctct ttcacccact	2520
gcttctgatg ctatcaccca gatgatttta gtaaaggctg aaggaataga aaaatcatat	2580
tcacaatcca tcttattaga ctgactgac aataggctac agagtaccct gaaaactttg	2640
agtttctcat ttcctcctaa tacagtgact ggcagtgaag gagttcagat cactgcaatt	2700
ggagatgttc ttggctcttc catcaatggc tttagcctcat tgattcggat gccttatggc	2760
tgtggtgaac agaacatgat aaattttgct ccaaatattt acattttgga ttatctgact	2820
aaaaagaaac aactgacaga taatttgaaa gaaaaagctc tttcatttat gaggcaaggt	2880
taccagagag aacttctcta tcagagggaa gatggctctt tcagtgcctt tgggaattat	2940
gacccttctg ggagcacttg gtgtcagct ttgtttttaa gatgtttcct tgaagccgat	3000
ccttacatag atattgatca gaatgtgtta cacagaacat acacttggct taaaggacat	3060
cagaaatcca acggtgaatt ttgggatcca ggaagagtga ttcatagtga gcttcaaggt	3120
ggcaataaaa gtccagtaac acttacagcc tatattgtaa cttctctcct gggatataga	3180
aagtatcagc ctaacattga tgtgcaagag tctatccatt ttttggagtc tgaattcagt	3240
agaggaattt cagacaatta tactctagcc cttataactt atgcattgtc atcagtgggg	3300
agtcctaaag cgaaggaagc ttggaatatg ctgacttggg gagcagaaca agaaggtggc	3360
atgcaattct ggggtgcac agagtccaaa ctttctgact cctggcagcc acgctccctg	3420
gatattgaag ttgcagccta tgcactgctc tcacacttct tacaatttca gacttctgag	3480
ggaatcccaa ttatgaggtg gctaagcagg caaagaaata gcttgggtgg ttttgcattct	3540
actcaggata ccactgtggc tttaaaggct ctgtctgaat ttgcagccct aatgaatata	3600

gaaaggacaa atatccaagt gaccgtgacg gggcctagct caccaagtcc tgtaaagttt 3660
 ctgattgaca cacacaaccg ctactcctt cagacagcag agcttgctgt ggtacagcca 3720
 acggcagtta atatttccgc aaatggtttt ggatttgcta tttgtcagct caatgttgta 3780
 tataatgtga aggcttctgg gtccttctaga agacgaagat ctatccaaaa tcaagaagcc 3840
 tttgatttag atgttgctgt aaaagaaaaat aaagatgac tcaatcatgt ggatttgaat 3900
 gtgtgtacaa gcttttcggg cccgggtagg agtggcatgg ctcttatgga agttaacct 3960
 ttaagtggct ttatggtgcc ttcagaagca atttctctga gcgagacagt gaagaaagtg 4020
 gaataatgac atggaaaact caacctctat ttagattctg taaatgaaac ccagttttgt 4080
 gttaatatc ctgctgtgag aaacttttaa gtttcaata cccaagatgc ttcagtgtcc 4140
 atagtggatt actatgagcc aaggagacag gcggtgagaa gttacaactc tgaagtgaag 4200
 ctgtcctcct gtgaccttg cagtgtgtc cagggtgcc gtccttgtga ggatggagct 4260
 tcaggctccc atcatcactc ttcagtcatt tttatcttct gtttcaagct tctgtacttt 4320
 atggaacttt ggctg 4335

[0074]

<210> 12

<211> 1746

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atgttccccg cgggcccccc cagccacagc ctctccggc tccccctgct gcagttgctg 60
 ctactgggtg tgcaggccgt ggggagggg ctgggcccgc ccagcccggc cgggggcccc 120
 ctggaagatg tggatcatga gaggtaccac atccccaggg cctgtccccg ggaagtgcag 180
 atgggggatt ttgtgcgcta ccactacaac ggcacttttg aagatggcaa gaagtttgat 240
 tcaagctatg atcgcaacac ctgggtggcc atcgtgggtg gtgtggggcg cctcatcact 300
 ggcatggacc gaggcctcat gggcatgtgt gtcaacgagc ggcgacgcct cattgtgcct 360
 cccacctgg gctatgggag catcgccctg gcggggctca ttccaccgga tgccaccctc 420
 tacttcgatg tggttctgct ggatgtgtgg aacaaggaag acaccgtgca ggtgagcaca 480
 ttgctgcgcc cgcctcactg ccccgcatg gtccaggacg gcgactttgt ccgctaccac 540
 tacaatggca cctgtctgga cggcacctcc ttcgacacca gctacagtaa gggcggcact 600

tatgacacct acgtcggctc tggttggctg atcaagggca tggaccaggg gctgctgggc 660
 atgtgtcctg gagagagaag gaagattatc atccctccat tcctggccta tggcgagaaa 720
 ggctatggga cggatgaccc cccacaggcc tcgtcgtctt ttcacgtcct cctgattgac 780
 gtgcacaacc cgaaggacgc tgtccagcta gagacgttg agtcccccc cggctgtgtc 840
 cgcagagccg gggccgggga cttcatgcgc taccactaca atggctcctt gatggacggc 900
 accctcttcg attccagcta ctcccgcaac cacacctaca atacctatat cgggcagggt 960
 tacatcatcc ccgggatgga ccaggggctg caggggtgcct gcatggggga acgccggaga 1020
 attaccatcc ccccgcacct cgcctatggg gagaatggaa ctggagacaa gatccctggc 1080
 tctgccgtgc taatcttcaa cgtccatgtc attgacttcc acaaccctgc ggatgtgggt 1140
 gaaatcagga cactgtcccg gccatctgag acctgcaatg agaccaccaa gcttggggac 1200
 tttgttcgat accattacaa ctgttctttg ctggacggca cccagctgtt cacctcgcat 1260
 gactacgggg cccccagga ggcgactctc ggggccaaca aggtgatcga aggcctggac 1320
 acgggcctgc agggcatgtg tgtgggagag aggcggcagc tcatcgtgcc cccgcacctg 1380
 gccacgggg agagtggagc ccggggagtc ccaggcagtg ctgtgctgct gtttgaggtg 1440
 gagctggtgt cccgggagga tgggctgccc acaggctacc tgtttgtgtg gcacaaggac 1500
 cctcctgcca acctgtttga agacatggac ctcaacaagg atggcgaggt ccctccggag 1560
 gagttctcca cttcatcaa ggctcaagt agtgagggca aaggacgcct catgcctggg 1620
 caggaccctg agaaaacct aggagacatg ttccagaacc aggaccgcaa ccaggacggc 1680
 aagatcacag tcgacgagct caagctgaag tcagatgagg acgaggagcg ggtccacgag 1740
 gagctc 1746

[0 0 7 5]

<210> 13

<211> 1230

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atggagcttc cctcagggcc ggggcccggag cggctctttg actcgcaccg gcttccgggt 60
 gactgcttcc tactgtcgt gctgctgctc tacgcgccag tcgggttctg cctcctcgtc 120
 ctgcgcctct ttctcgggat ccacgtcttc ctggtcagct gcgcgctgcc agacagcgtc 180

cttcgcagat tcgtagtgcg gaccatgtgt gcggtgctag ggctcgtggc ccggcaggag 240
 gaticcggac tccgggatca cagtgtcagg gtccctcattt ccaaccaatgt gacacctttc 300
 gaccacaaca tagtcaattt gcttaccacc tgtagcacc cttactcaa tagtcccccc 360
 agcttttgtgt gctgggtctcg gggcttcatg gagatgaatg ggcgggggga gttgggtggag 420
 tcaactaaga gattctgtgc ttccaagagg ctcccccca ctctctgtct gctattccct 480
 gaggaagagg ccaccaatgg ccgggagggg ctcttgcgt tcagttcctg gccattttct 540
 atccaagatg tggatcaacc tcttaccctg caagttcaga gacccctggg ctctgtgacg 600
 gtgtcagatg cctcctgggt ctcaagaactg ctgtgggtcac ttttcgtccc tttcacgggtg 660
 tatcaagtaa ggtggcttcg tctgtttcat cgccaactag gggaagcgaa tgaggagttt 720
 gcactccgtg tacaacagct ggtggccaag gaattgggcc agacaggagc acggctcact 780
 ccagctgaca aagcagagca catgaagcga caaagacacc ccagattgcg cccccagtca 840
 gcccagtcctt ctttccctcc ctccccctggg ctttctcctg atgtgcaact ggcaactctg 900
 gctcagagag tcaaggaagt ttgccccat gtgccattgg gtgtcatcca gagagacctg 960
 gccaaagactg gctgtgtaga cttgactatc actaatctgc ttgagggggc cgtagctttc 1020
 atgcctgaag acatcaccaa gggaactcag tccctaccca cagcctctgc ctccaagttt 1080
 cccagctctg gcccggtgac cctcagcca acagccctaa catttgccaa gtcttctctg 1140
 gcccggcagg agagcctgca ggagcgcaag caagcactat atgaatacgc aagaaggaga 1200
 ttcacagaga gacgagccca ggaggctgac 1230

【0076】

<210> 14

<211> 1449

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atggaggaag gaggcggcgg cgtacggagt ctggtcccgg gcgggcccgt gttactggtc 60
 ctctgcggcc tcttgaggc gtccggcggc ggccgagccc ttctcaact cagcgtatgac 120
 atccctttcc gactcaactg gcccggcacc gagttctctc tgcccacaac tggagtttta 180
 tataaagaag ataattatgt catcatgaca actgcacata aagaaaaata taaatgcata 240
 cttccccctg tgacaagtgg ggatgaggaa gaagaaaagg attataaagg ccctaattcca 300

agagagcttt tggagccact atttaaaca agcagttgtt cctacagaat tgagtcttat 360
 tggacttacg aagtatgtca tggaaaacac attcggcagt accatgaaga gaaagaaact 420
 ggtcagaaaa taaatattca cgagtactac cttgggaata tgttggccaa gaaccttcta 480
 ttigaaaaag aacgagaagc agaagaaaag gaaaaatcaa atgagattcc cactaaaaat 540
 atcgaaggtc agatgacacc atactatcct gtgggaatgg gaaatggtac accttgtagt 600
 ttgaaacaga accggcccag atcaagtact gtgatgtaca tatgtcatcc tgaatctaag 660
 catgaaattc tticagtagc tgaagttaca acttgtgaat atgaagttgt cattttgaca 720
 ccactcttgt gcagtcaccc taaatatagg tticagagcat ctctctgtgaa tgacatattt 780
 tgtcaatcac tgccaggatc tccatttaag cccctcacc tgaggcagct ggagcagcag 840
 gaagaaatac taagggtgcc ttttaggaga aataaagagg aagatttgca atcaactaaa 900
 gaagagagat ttccagcgat ccacaagtcg attgctattg gctctcagcc agtgcctact 960
 gttgggacaa cccacatata caaattgaca gatgaccaac tcataaaaga gtttcttagt 1020
 ggttcttact gctttcgtgg ggggtgtcggg tgggtggaaat atgaattctg ctatggcaaa 1080
 catgtacatc aataccatga ggacaaggat agtgggaaaa cctctgtggt tgtcgggaca 1140
 tggaaaccaag aagagcatat tgaatgggct aagaagaata ctgctagagc ttatcatctt 1200
 caagacgatg gtaccagac agtcaggatg gtgtcacatt tttatggaaa tggagatatt 1260
 tgtgatataa ctgacaaacc aagacaggtg actgtaaaac taaagtgcaa agaatcagat 1320
 tcacctcatg ctgttactgt atatatgcta gagcctcact cctgtcaata tattcttggg 1380
 gttgaatctc cagtgatctg taaaatctta gatacagcag atgaaaatgg acttctttct 1440
 ctccccaac 1449

[0077]

<210> 15

<211> 1821

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atgggctttg aggagctgct ggagcaggtg ggcggctttg ggcccttcca actgcggaat 60
 gtggcactgc tggccctgcc ccgagtgtg ctaccactgc acttctcct gcccatcttc 120
 ctggctgccg tgcctgccc ccgatgtgcc ctgccgggtg cccctgccc cttcagccat 180

caggatgtgt ggctggaggc ccatcttccc cgggagcctg atggcacgct cagctcctgc	240
ctccgctttg cctatcccca ggctctcccc aacaccacgt tgggggaaga aaggcagagc	300
cgtggggagc tggaggatga acctgccaca gtgccctgct ctcagggtg ggagtacgac	360
cactcagaat tctcctctac cattgcaact gagtcccagg tcggtattta cataatccat	420
ctggaggtgg aatgtcgggt gaggcagict ccctgggagg cagcaggctg aggccttcct	480
tgggaagaag ctgaggctgc aggactgggg agggacaaag tticctattc cccaagctgg	540
cgigaatcgt tgggaggttt attatctggc atggagtggg atctgggtgtg tgagcagaaa	600
ggctcgaaca gagctgcgtc cactttcttc ttcccggtg tgctgggtggg ggctgtggcc	660
tttgatatac tgtccgacag gtttgggcgg cggcgtctgc tgctggtagc ctacgtgagt	720
acctgggtgc tgggcctggc atctgcagcc tccgtcagct atgtaatgtt tgccatcacc	780
cgcaccctta ctggctcagc cctggctggt ttaccatca tcgtgatgcc actggagctg	840
gagtggctgg atgtggagca ccgcaccgtg gctggagtcc tgagcagcac cttctggaca	900
gggggcgtga tgctgtggc actggttggg tacctgatac gggactggcg atggcttctg	960
ctagctgtca ccctgccttg tgccccaggc atcctcagcc tctgggtgggt gcctgagtct	1020
gcacgtggc ttctgacca aggccatgtg aaagaggccc acaggtactt gctccactgt	1080
gccaggctca atgggcggcc agtgtgtgag gacagcttca gccaggaggc tgtagcaaa	1140
gtggccgccg gggaacgggt ggtccgaaga ccttcatacc tagacctgtt ccgcacacca	1200
cggctccgac acatctcact gtgtcgcgtg gtgggtgtgt tccgagtga cttctcctat	1260
tacggcctga gtctggatgt gtccgggctg gggctgaacg tgtaccagac acagctgttg	1320
ttcggggctg tggaaactgcc ctccaagctg ctggtctact tgtcgggtgcg ctacgcagga	1380
cgccgcctca cgcaagccgg gacactgctg ggcacggccc tggcgttcgg cactagactg	1440
ctagtgtcct ctgatatgaa gtccctggagc actgtcctgg cagtgatggg gaaagctttt	1500
tctgaagctg ccttcaccac tgcctacctg ttcacttcag agttgtacc tacggtgctc	1560
agacagacag ggatggggct gactgcactg gtgggccggc tggggggctc tttggcccca	1620
ctggcggcct tgctggatgg agtgtggctg tcaactgcca agcttactta tggggggatc	1680
gccctgctgg ctgccggcac cgccctcctg ctgccagaga cgaggcaggc acagctgcca	1740
gagaccatcc aggacgtgga gagaaagagt gcccacacca gtcttcagga ggaagagatg	1800
cccatgaagc aggtccagaa c	1821

[0 0 7 8]

<210> 16

<211> 942

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atgggcgcgc gcggggcgct gctgctggcg ctgctgctgg ctggggctgg actcaggaag	60
ccggagtcgc aggaggcggc gccgttatca ggacatgcg gccgacgggt catcacgtcg	120
cgcacgtgg gtggagagga cgccgaactc gggcgttggc cgtggcaggg gagcctgcgc	180
ctgtgggatt cccacgtatg cggagtgcg ctgctcagcc accgctgggc actcacggcg	240
gcgcactgct ttgaaacctg tagtgacctt agtgatccct ccgggtggat ggtccagttt	300
ggccagctga cttccatgcc atccttctgg agcctgcagg cctactacac ccgttacttc	360
gtatcgaata tctatctgag cctcgcctac ctggggaatt caccctatga cattgccttg	420
gtgaagctgt ctgcacctgt caccctacact aaacacatcc agcccatctg tctccaggcc	480
tccacatttg agtttgagaa ccggacagac tgctgggtga ctggctgggg gtacatcaaa	540
gaggatgagg cactgccatc tccccacacc ctccaggaag ttcaggtcgc catcataaac	600
aactctatgt gcaaccacct ctccctcaag tacagtctcc gcaaggacat ctttgagac	660
atggtttgtg ctggcaatgc ccaaggcggg aaggatgcct gcttcggtga ctccaggtgga	720
cccttggcct gtaacaagaa tggactgtgg tatcagattg gattcgtgag ctggggagtg	780
ggctgtggtc ggcccaatcg gcccggtgtc tacaccaata tcagccacca ctttgagtg	840
atccagaagc tgatggccca gattggcatg tcccagccag accctcctg gccgtactc	900
ttttccctc ttctctgggc tctccactc ctggggccgg tc	942

【0079】

<210> 17

<211> 282

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atggagctct ctgatgtcac cctcattgag ggtgtgggta atgaggtgat ggtggtggca	60
ggtgtggtgg tgctgattct agccttggtc ctagcttggc tctctaccta cgtagcagac	120

agcggtagca accagctcct gggcgctatt gtgtcagcag gcgacacatc cgtcctccac 180
 ctggggcatg tggaccacct ggtggcaggc caaggcaacc ccgagccaac tgaactcccc 240
 catccatcag aggcaaatac ticcctggac aagaaagcca ga 282

【 0 0 8 0 】

<210> 18

<211> 654

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atggcgctga agataggttc gagacggtgg atgttcagc tgatcatgca gttgggttcg 60
 gtgctgtca cacgtgccc cttttggggc tgcttcagcc agctcatgct gtacgtgag 120
 agggctgagg cacgccgga gcccgcacac ccagtgcctt acctgtattt cgacatgggg 180
 gcagccgtgc tgtgcgctag tttcatgtcc tttggcgtga agcggcgctg gttcgcgctg 240
 ggggccgcac tccaattggc cattagcacc tacgccgcct acatcggggg ctacgtccac 300
 tacggggact ggctgaaggt ccgtatgtac tcgcgcacag ttgcatcat cggcggactt 360
 tcttgtgttg gccagcggtg ctggggagct gtaccgccgg aaacctcgca gccgtccct 420
 gcagtcacc ggccagggtg tcctgggtat ctacctatc tgtgtggcct actcactgca 480
 gcacagcaag gaggaccggc tggcgtatct gaaccatctc ccaggagggg agctgatgat 540
 ccagctgttc ttctgtctgt atggcatcct ggccctggcc tttctgtcag gctactacgt 600
 gaccctcgct gccagatcc tggctgtact gctgccccct gtcattgtgc tcat 654

【 0 0 8 1 】

<210> 19

<211> 1380

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 19

atgttcacaa ttaagctcct tctttttatt gttcctctag ttatttcctc cagaattgat 60
 caagacaatt catcatttga ttctctatct ccagagccaa aatcaagatt tgctatgtta 120
 gacgatgtaa aaatttttagc caatggcctc cttcagttgg gacatggctt taaagacttt 180

gtccataaga cgaagggcc aattaatgac atatttcaaa aactcaacat atttgatcag 240
 tctttttatg atctatcgct gcaaaccagt gaaatcaaag aagaagaaaa ggaactgaga 300
 agaactacat ataaactaca agtcaaaaat gaagaggtaa agaatatgtc acttgaactc 360
 aactcaaaac ttgaaagcct cctagaagaa aaaattctac ttcaacaaaa agtgaaatat 420
 ttagaagagc aactaactaa ctttaattcaa aatcaacctg aaactccaga acaccagaa 480
 gtaacttcac ttaaaacttt ttagaagaaa caagataata gcatcaaaga ctttctccag 540
 accgtggaag accaatataa acaattaaac caacagcata gtcaaataaa agaaatagaa 600
 aatcagctca gaaggactag tattcaagaa cccacagaaa tttctctatc ttccaagcca 660
 agagcaccaa gaactactcc ctttcttcag ttgaatgaaa taagaaatgt aaaacatgat 720
 ggcattcctg ctgaatgtac caccatttat aacagagggtg aacatacaag tggcatgtat 780
 gccatcagac ccagcaactc tcaagttttt catgtctact gtgatgttat atcaggtagt 840
 ccatggacat taattcaaca tcgaatagat ggatcacaaa acttcaatga aacgtgggag 900
 aactacaaat atggtttttg gaggcctgat ggagaatttt ggttgggcct agagaagata 960
 tactccatag tgaagcaatc taattatgtt ttacgaattg agctggaaga ctggaaagac 1020
 aacaaacatt atattgaata ttctttttac ttgggaaatc acgaaaccaa ctatacgcta 1080
 catctagtig cgattactgg caatgtcccc aatgcaatcc cggaacaaa agatttggtg 1140
 ttttctactt gggatcacaa agcaaaagga cacttcaact gtccagaggg ttattcagga 1200
 ggctgggtgtt ggcatgatga gtgtggagaa aacaacctaa atggtaaata taacaaacca 1260
 agagcaaaat ctaagccaga gaggagaaga ggattatctt ggaagtctca aaatggaagg 1320
 ttatactcta taaaatcaac caaatgttg atccatcaa cagattcaga aagctttgaa 1380

<210> 20

<211> 648

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atggtgccaa tgcatttact ggggagactg gagaagccgc ttctcctcct gtgctgcgcc 60
 tccttcttac tggggctggc ttgctgggc ataaagacgg acatcacccc cgttgcttat 120
 ttctttctca cattgggtgg cttcttcttg ttgacctatc tcctgggtccg gtttctggaa 180
 tgggggcttc ggtcccagct ccaatcaatg cagactgaga gccagggcc ctcaggcaat 240

gcacgggaca atgaagcctt tgaagtgccg gtctatgaag aggccgtggt gggactagaa 300
 tcccagtgcc gcccccaaga gtgggaccaa ccacccccct acagcactgt tgtgataccc 360
 ccagcacctg aggaggaaca acctagccat ccagaggggt ccaggagagc caaactggaa 420
 cagaggcgaa tggcctcaga ggggtccatg gccaggaag gaagccctgg aagagctcca 480
 atcaaccttc ggcttcgggg accacgggct gtgtccactg ctctgatct gcagagcttg 540
 gcggcagttc ccacattaga gcctctgact ccacccccct cctatgatgt ctgctttggt 600
 caccctgatg atgatagtgt tttttatgag gacaactggg caccacct 648

[0082]

<210> 21

<211> 4473

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (45)...(4382)

<400> 21

aacttccccg gcagcggact gtagcccagg cagacgccgt cgag atg cag ggc cca 56

Met Gln Gly Pro

1

ccg ctc ctg acc gcc gcc cac ctc ctc tgc gtg tgc acc gcc gcg ctg 104

Pro Leu Leu Thr Ala Ala His Leu Leu Cys Val Cys Thr Ala Ala Leu

5

10

15

20

gcc gtg gct ccc ggg cct cgg ttt ctg gtg aca gcc cca ggg atc atc 152

Ala Val Ala Pro Gly Pro Arg Phe Leu Val Thr Ala Pro Gly Ile Ile

25

30

35

agg ccc gga gga aat gtg act att ggg gtg gag ctt ctg gaa cac tgc 200

Arg Pro Gly Gly Asn Val Thr Ile Gly Val Glu Leu Leu Glu His Cys

40

45

50

cct tca cag gtg act gtg aag gcg gag ctg ctc aag aca gca tca aac 248

Pro Ser Gln Val Thr Val Lys Ala Glu Leu Leu Lys Thr Ala Ser Asn	
55 60 65	
ctc act gtc tct gtc ctg gaa gca gaa gga gtc ttt gaa aaa ggc tct	296
Leu Thr Val Ser Val Leu Glu Ala Glu Gly Val Phe Glu Lys Gly Ser	
70 75 80	
ttt aag aca ctt act ctt cca tca cta cct ctg aac agt gca gat gag	344
Phe Lys Thr Leu Thr Leu Pro Ser Leu Pro Leu Asn Ser Ala Asp Glu	
85 90 95 100	
att tat gag cta cgt gta acc gga cgt acc cag gat gag att tta ttc	392
Ile Tyr Glu Leu Arg Val Thr Gly Arg Thr Gln Asp Glu Ile Leu Phe	
105 110 115	
tct aat agt acc cgc tta tca ttt gag acc aag aga ata tct gtc ttc	440
Ser Asn Ser Thr Arg Leu Ser Phe Glu Thr Lys Arg Ile Ser Val Phe	
120 125 130	
att caa aca gac aag gcc tta tac aag cca aag caa gaa gtg aag ttt	488
Ile Gln Thr Asp Lys Ala Leu Tyr Lys Pro Lys Gln Glu Val Lys Phe	
135 140 145	
cgc att gtt aca ctc ttc tca gat ttt aag cct tac aaa acc tct tta	536
Arg Ile Val Thr Leu Phe Ser Asp Phe Lys Pro Tyr Lys Thr Ser Leu	
150 155 160	
aac att ctc att aag gac ccc aaa tca aat ttg atc caa cag tgg ttg	584
Asn Ile Leu Ile Lys Asp Pro Lys Ser Asn Leu Ile Gln Gln Trp Leu	
165 170 175 180	
tca caa caa agt gat ctt gga gtc att tcc aaa act ttt cag cta tct	632
Ser Gln Gln Ser Asp Leu Gly Val Ile Ser Lys Thr Phe Gln Leu Ser	
185 190 195	
tcc cat cca ata ctt ggt gac tgg tct att caa gtt caa gtg aat gac	680
Ser His Pro Ile Leu Gly Asp Trp Ser Ile Gln Val Gln Val Asn Asp	
200 205 210	

cag aca tat tat caa tca ttt cag gtt tca gaa tat gta tta cca aaa	728
Gln Thr Tyr Tyr Gln Ser Phe Gln Val Ser Glu Tyr Val Leu Pro Lys	
215 220 225	
ttt gaa gtg act ttg cag aca cca tta tat tgt tct atg aat tct aag	776
Phe Glu Val Thr Leu Gln Thr Pro Leu Tyr Cys Ser Met Asn Ser Lys	
230 235 240	
cat tta aat ggt acc atc acg gca aag tat aca tat ggg aag cca gtg	824
His Leu Asn Gly Thr Ile Thr Ala Lys Tyr Thr Tyr Gly Lys Pro Val	
245 250 255 260	
aaa gga gac gta acg ctt aca ttt tta cct tta tcc ttt tgg gga aag	872
Lys Gly Asp Val Thr Leu Thr Phe Leu Pro Leu Ser Phe Trp Gly Lys	
265 270 275	
aag aaa aat att aca aaa aca ttt aag ata aat gga tct gca aac ttc	920
Lys Lys Asn Ile Thr Lys Thr Phe Lys Ile Asn Gly Ser Ala Asn Phe	
280 285 290	
tct ttt aat gat gaa gag atg aaa aat gta atg gat tct tca aat gga	968
Ser Phe Asn Asp Glu Glu Met Lys Asn Val Met Asp Ser Ser Asn Gly	
295 300 305	
ctt tct gaa tac ctg gat cta tct ttc cct gga cca gta gaa att tta	1016
Leu Ser Glu Tyr Leu Asp Leu Ser Phe Pro Gly Pro Val Glu Ile Leu	
310 315 320	
acc aca gtg aca gaa tca gtt aca ggt att tca aga aat gta agc act	1064
Thr Thr Val Thr Glu Ser Val Thr Gly Ile Ser Arg Asn Val Ser Thr	
325 330 335 340	
aat gtg ttc ttc aag caa cat gat tac atc att gag ttt ttt gat tat	1112
Asn Val Phe Phe Lys Gln His Asp Tyr Ile Ile Glu Phe Phe Asp Tyr	
345 350 355	
act act gtc ttg aag cca tct ctc aac ttc aca gcc act gtg aag gta	1160
Thr Thr Val Leu Lys Pro Ser Leu Asn Phe Thr Ala Thr Val Lys Val	

360	365	370	
act cgt gct gat ggc aac caa ctg act ctt gaa gaa aga aga aat aat			1208
Thr Arg Ala Asp Gly Asn Gln Leu Thr Leu Glu Glu Arg Arg Asn Asn			
375	380	385	
gta gtc ata aca gtg aca cag aga aac tat act gag tac tgg agc gga			1256
Val Val Ile Thr Val Thr Gln Arg Asn Tyr Thr Glu Tyr Trp Ser Gly			
390	395	400	
tct aac agt gga aat cag aaa atg gaa gct gtt cag aaa ata aat tat			1304
Ser Asn Ser Gly Asn Gln Lys Met Glu Ala Val Gln Lys Ile Asn Tyr			
405	410	415	420
act gtc ccc caa agt gga act ttt aag att gaa ttc cca atc ctg gag			1352
Thr Val Pro Gln Ser Gly Thr Phe Lys Ile Glu Phe Pro Ile Leu Glu			
425	430	435	
gat tcc agt gag cta cag ttg aag gcc tat ttc ctt ggt agt aaa agt			1400
Asp Ser Ser Glu Leu Gln Leu Lys Ala Tyr Phe Leu Gly Ser Lys Ser			
440	445	450	
agc atg gca gtt cat agt ctg ttt aag tct cct agt aag aca tac atc			1448
Ser Met Ala Val His Ser Leu Phe Lys Ser Pro Ser Lys Thr Tyr Ile			
455	460	465	
caa cta aaa aca aga gat gaa aat ata aag gtg gga tcg cct ttt gag			1496
Gln Leu Lys Thr Arg Asp Glu Asn Ile Lys Val Gly Ser Pro Phe Glu			
470	475	480	
ttg gtg gtt agt ggc aac aaa cga ttg aag gag tta agc tat atg gta			1544
Leu Val Val Ser Gly Asn Lys Arg Leu Lys Glu Leu Ser Tyr Met Val			
485	490	495	500
gta tcc agg gga cag ttg gtg gct gta gga aaa caa aat tca aca atg			1592
Val Ser Arg Gly Gln Leu Val Ala Val Gly Lys Gln Asn Ser Thr Met			
505	510	515	
ttc tct tta aca cca gaa aat tct tgg act cca aaa gcc tgt gta att			1640

Phe Ser Leu Thr Pro Glu Asn Ser Trp Thr Pro Lys Ala Cys Val Ile	
520	525
gtg tat tat att gaa gat gat ggg gaa att ata agt gat gtt cta aaa	1688
Val Tyr Tyr Ile Glu Asp Asp Gly Glu Ile Ile Ser Asp Val Leu Lys	
535	540
att cct gtt cag ctt gtt ttt aaa aat aag ata aag cta tat tgg agt	1736
Ile Pro Val Gln Leu Val Phe Lys Asn Lys Ile Lys Leu Tyr Trp Ser	
550	555
aaa gtg aaa gct gaa cca tct gag aaa gtc tct ctt agg atc tct gtg	1784
Lys Val Lys Ala Glu Pro Ser Glu Lys Val Ser Leu Arg Ile Ser Val	
565	570
aca cag cct gac tcc ata gtt ggg att gta gct gtt gac aaa agt gtg	1832
Thr Gln Pro Asp Ser Ile Val Gly Ile Val Ala Val Asp Lys Ser Val	
585	590
aat ctg atg aat gcc tct aat gat att aca atg gaa aat gtg gtc cat	1880
Asn Leu Met Asn Ala Ser Asn Asp Ile Thr Met Glu Asn Val Val His	
600	605
gag ttg gaa ctt tat aac aca gga tat tat tta ggc atg ttc atg aat	1928
Glu Leu Glu Leu Tyr Asn Thr Gly Tyr Tyr Leu Gly Met Phe Met Asn	
615	620
tct ttt gca gtc ttt cag gaa tgt gga ctc tgg gta ttg aca gat gca	1976
Ser Phe Ala Val Phe Gln Glu Cys Gly Leu Trp Val Leu Thr Asp Ala	
630	635
aac ctc acg aag gat tat att gat ggt gtt tat gac aat gca gaa tat	2024
Asn Leu Thr Lys Asp Tyr Ile Asp Gly Val Tyr Asp Asn Ala Glu Tyr	
645	650
gct gag agg ttt atg gag gaa aat gaa gga cat att gta gat att cat	2072
Ala Glu Arg Phe Met Glu Glu Asn Glu Gly His Ile Val Asp Ile His	
665	670
	675

gac ttt tct ttg ggt agc agt cca cat gtc cga aag cat ttt cca gag	2120
Asp Phe Ser Leu Gly Ser Ser Pro His Val Arg Lys His Phe Pro Glu	
680 685 690	
act tgg att tgg cta gac acc aac atg ggt tcc agg att tac caa gaa	2168
Thr Trp Ile Trp Leu Asp Thr Asn Met Gly Ser Arg Ile Tyr Gln Glu	
695 700 705	
ttt gaa gta act gta cct gat tct atc act tct tgg gtg gct act ggt	2216
Phe Glu Val Thr Val Pro Asp Ser Ile Thr Ser Trp Val Ala Thr Gly	
710 715 720	
ttt gtg atc tct gag gac ctg ggt ctt gga cta aca act act cca gtg	2264
Phe Val Ile Ser Glu Asp Leu Gly Leu Gly Leu Thr Thr Thr Pro Val	
725 730 735 740	
gag ctc caa gcc ttc caa cca ttt ttc att ttt ttg aat ctt ccc tac	2312
Glu Leu Gln Ala Phe Gln Pro Phe Phe Ile Phe Leu Asn Leu Pro Tyr	
745 750 755	
tct gtt atc aga ggt gaa gaa ttt gct ttg gaa ata act ata ttc aat	2360
Ser Val Ile Arg Gly Glu Glu Phe Ala Leu Glu Ile Thr Ile Phe Asn	
760 765 770	
tat ttg aaa gat gcc act gag gtt aag gta atc att gag aaa agt gac	2408
Tyr Leu Lys Asp Ala Thr Glu Val Lys Val Ile Ile Glu Lys Ser Asp	
775 780 785	
aaa ttt gat att cta atg act tca agt gaa ata aat gcc aca ggc cac	2456
Lys Phe Asp Ile Leu Met Thr Ser Ser Glu Ile Asn Ala Thr Gly His	
790 795 800	
cag cag acc ctt ctg gtt ccc agt gag gat ggg gca act gtt ctt ttt	2504
Gln Gln Thr Leu Leu Val Pro Ser Glu Asp Gly Ala Thr Val Leu Phe	
805 810 815 820	
ccc atc agg cca aca cat ctg gga gaa att cct atc aca gtc aca gct	2552
Pro Ile Arg Pro Thr His Leu Gly Glu Ile Pro Ile Thr Val Thr Ala	

825	830	835	
ctt tca ccc act gct tct gat gct atc acc cag atg att tta gta aag			2600
Leu Ser Pro Thr Ala Ser Asp Ala Ile Thr Gln Met Ile Leu Val Lys			
840	845	850	
gct gaa gga ata gaa aaa tca tat tca caa tcc atc tta tta gac ttg			2648
Ala Glu Gly Ile Glu Lys Ser Tyr Ser Gln Ser Ile Leu Leu Asp Leu			
855	860	865	
act gac aat agg cta cag agt acc ctg aaa act ttg agt ttc tca ttt			2696
Thr Asp Asn Arg Leu Gln Ser Thr Leu Lys Thr Leu Ser Phe Ser Phe			
870	875	880	
cct cct aat aca gtg act ggc agt gaa aga gtt cag atc act gca att			2744
Pro Pro Asn Thr Val Thr Gly Ser Glu Arg Val Gln Ile Thr Ala Ile			
885	890	895	900
gga gat gtt ctt ggt cct tcc atc aat ggc tta gcc tca ttg att cgg			2792
Gly Asp Val Leu Gly Pro Ser Ile Asn Gly Leu Ala Ser Leu Ile Arg			
905	910	915	
atg cct tat ggc tgt ggt gaa cag aac atg ata aat ttt gct cca aat			2840
Met Pro Tyr Gly Cys Gly Glu Gln Asn Met Ile Asn Phe Ala Pro Asn			
920	925	930	
att tac att ttg gat tat ctg act aaa aag aaa caa ctg aca gat aat			2888
Ile Tyr Ile Leu Asp Tyr Leu Thr Lys Lys Lys Gln Leu Thr Asp Asn			
935	940	945	
ttg aaa gaa aaa gct ctt tca ttt atg agg caa ggt tac cag aga gaa			2936
Leu Lys Glu Lys Ala Leu Ser Phe Met Arg Gln Gly Tyr Gln Arg Glu			
950	955	960	
ctt ctc tat cag agg gaa gat ggc tct ttc agt gct ttt ggg aat tat			2984
Leu Leu Tyr Gln Arg Glu Asp Gly Ser Phe Ser Ala Phe Gly Asn Tyr			
965	970	975	980
gac cct tct ggg agc act tgg ttg tca gct ttt gtt tta aga tgt ttc			3032

Asp Pro Ser Gly Ser Thr Trp Leu Ser Ala Phe Val Leu Arg Cys Phe	
985 990 995	
ctt gaa gcc gat cct tac ata gat att gat cag aat gtg tta cac aga	3080
Leu Glu Ala Asp Pro Tyr Ile Asp Ile Asp Gln Asn Val Leu His Arg	
1000 1005 1010	
aca tac act tgg ctt aaa gga cat cag aaa tcc aac ggt gaa ttt tgg	3128
Thr Tyr Thr Trp Leu Lys Gly His Gln Lys Ser Asn Gly Glu Phe Trp	
1015 1020 1025	
gat cca gga aga gtg att cat agt gag ctt caa ggt ggc aat aaa agt	3176
Asp Pro Gly Arg Val Ile His Ser Glu Leu Gln Gly Gly Asn Lys Ser	
1030 1035 1040	
cca gta aca ctt aca gcc tat att gta act tct ctc ctg gga tat aga	3224
Pro Val Thr Leu Thr Ala Tyr Ile Val Thr Ser Leu Leu Gly Tyr Arg	
1045 1050 1055 1060	
aag tat cag cct aac att gat gtg caa gag tct atc cat ttt ttg gag	3272
Lys Tyr Gln Pro Asn Ile Asp Val Gln Glu Ser Ile His Phe Leu Glu	
1065 1070 1075	
tct gaa ttc agt aga gga att tca gac aat tat act cta gcc ctt ata	3320
Ser Glu Phe Ser Arg Gly Ile Ser Asp Asn Tyr Thr Leu Ala Leu Ile	
1080 1085 1090	
act tat gca ttg tca tca gtg ggg agt cct aaa gcg aag gaa gct ttg	3368
Thr Tyr Ala Leu Ser Ser Val Gly Ser Pro Lys Ala Lys Glu Ala Leu	
1095 1100 1105	
aat atg ctg act tgg aga gca gaa caa gaa ggt ggc atg caa ttc tgg	3416
Asn Met Leu Thr Trp Arg Ala Glu Gln Glu Gly Gly Met Gln Phe Trp	
1110 1115 1120	
gtg tca tca gag tcc aaa ctt tct gac tcc tgg cag cca cgc tcc ctg	3464
Val Ser Ser Glu Ser Lys Leu Ser Asp Ser Trp Gln Pro Arg Ser Leu	
1125 1130 1135 1140	

gat att gaa gtt gca gcc tat gca ctg ctc tca cac ttc tta caa ttt	3512
Asp Ile Glu Val Ala Ala Tyr Ala Leu Leu Ser His Phe Leu Gln Phe	
1145 1150 1155	
cag act tct gag gga atc cca att atg agg tgg cta agc agg caa aga	3560
Gln Thr Ser Glu Gly Ile Pro Ile Met Arg Trp Leu Ser Arg Gln Arg	
1160 1165 1170	
aat agc ttg ggt ggt ttt gca tct act cag gat acc act gtg gct tta	3608
Asn Ser Leu Gly Gly Phe Ala Ser Thr Gln Asp Thr Thr Val Ala Leu	
1175 1180 1185	
aag gct ctg tct gaa ttt gca gcc cta atg aat aca gaa agg aca aat	3656
Lys Ala Leu Ser Glu Phe Ala Ala Leu Met Asn Thr Glu Arg Thr Asn	
1190 1195 1200	
atc caa gtg acc gtg acg ggg cct agc tca cca agt cct gta aag ttt	3704
Ile Gln Val Thr Val Thr Gly Pro Ser Ser Pro Ser Pro Val Lys Phe	
1205 1210 1215 1220	
ctg att gac aca cac aac cgc tta ctc ctt cag aca gca gag ctt gct	3752
Leu Ile Asp Thr His Asn Arg Leu Leu Leu Gln Thr Ala Glu Leu Ala	
1225 1230 1235	
gtg gta cag cca acg gca gtt aat att tcc gca aat ggt ttt gga ttt	3800
Val Val Gln Pro Thr Ala Val Asn Ile Ser Ala Asn Gly Phe Gly Phe	
1240 1245 1250	
gct att tgt cag ctc aat gtt gta tat aat gtg aag gct tct ggg tct	3848
Ala Ile Cys Gln Leu Asn Val Val Tyr Asn Val Lys Ala Ser Gly Ser	
1255 1260 1265	
tct aga aga cga aga tct atc caa aat caa gaa gcc ttt gat tta gat	3896
Ser Arg Arg Arg Arg Ser Ile Gln Asn Gln Glu Ala Phe Asp Leu Asp	
1270 1275 1280	
gtt gct gta aaa gaa aat aaa gat gat ctc aat cat gtg gat ttg aat	3944
Val Ala Val Lys Glu Asn Lys Asp Asp Leu Asn His Val Asp Leu Asn	

1285	1290	1295	1300	
gtg tgt aca agc ttt tcg ggc ccg ggt agg agt ggc atg gct ctt atg				3992
Val Cys Thr Ser Phe Ser Gly Pro Gly Arg Ser Gly Met Ala Leu Met				
	1305	1310	1315	
gaa gtt aac cta tta agt ggc ttt atg gtg cct tca gaa gca att tct				4040
Glu Val Asn Leu Leu Ser Gly Phe Met Val Pro Ser Glu Ala Ile Ser				
	1320	1325	1330	
ctg agc gag aca gtg aag aaa gtg gaa tat gat cat gga aaa ctc aac				4088
Leu Ser Glu Thr Val Lys Lys Val Glu Tyr Asp His Gly Lys Leu Asn				
	1335	1340	1345	
ctc tat tta gat tct gta aat gaa acc cag ttt tgt gtt aat att cct				4136
Leu Tyr Leu Asp Ser Val Asn Glu Thr Gln Phe Cys Val Asn Ile Pro				
	1350	1355	1360	
gct gtg aga aac ttt aaa gtt tca aat acc caa gat gct tca gtg tcc				4184
Ala Val Arg Asn Phe Lys Val Ser Asn Thr Gln Asp Ala Ser Val Ser				
	1365	1370	1375	1380
ata gtg gat tac tat gag cca agg aga cag gcg gtg aga agt tac aac				4232
Ile Val Asp Tyr Tyr Glu Pro Arg Arg Gln Ala Val Arg Ser Tyr Asn				
	1385	1390	1395	
tct gaa gtg aag ctg tcc tcc tgt gac ctt tgc agt gat gtc cag ggc				4280
Ser Glu Val Lys Leu Ser Ser Cys Asp Leu Cys Ser Asp Val Gln Gly				
	1400	1405	1410	
tgc cgt cct tgt gag gat gga gct tca ggc tcc cat cat cac tct tca				4328
Cys Arg Pro Cys Glu Asp Gly Ala Ser Gly Ser His His His Ser Ser				
	1415	1420	1425	
gtc att ttt att ttc tgt ttc aag ctt ctg tac ttt atg gaa ctt tgg				4376
Val Ile Phe Ile Phe Cys Phe Lys Leu Leu Tyr Phe Met Glu Leu Trp				
	1430	1435	1440	
ctg tgatttttt ttaaaggact ctgtgtaaca ctaacatttc cagtagtcac a				4430

Leu

1445

tgtgattgtt ttgttttcgt agaagaatac tgcttctatt ttg

4473

【0 0 8 3】

<210> 22

<211> 2630

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (82)...(1830)

<400> 22

agttctggga ggcgggggga aggaggttgg tggcgactcc ctgctcgcc ctcaactgccg 60

gcgggtcccaa ctccaggcac c atg ttc ccc gcg ggc ccc ccc agc cac agc 111

Met Phe Pro Ala Gly Pro Pro Ser His Ser

1 5 10

ctc ctc cgg ctc ccc ctg ctg cag ttg ctg cta ctg gtg gtg cag gcc 159

Leu Leu Arg Leu Pro Leu Leu Gln Leu Leu Leu Val Val Gln Ala

15 20 25

gtg ggg agg ggg ctg ggc cgc gcc agc ccg gcc ggg ggc ccc ctg gaa 207

Val Gly Arg Gly Leu Gly Arg Ala Ser Pro Ala Gly Gly Pro Leu Glu

30 35 40

gat gtg gtc atc gag agg tac cac atc ccc agg gcc tgt ccc cgg gaa 255

Asp Val Val Ile Glu Arg Tyr His Ile Pro Arg Ala Cys Pro Arg Glu

45 50 55

gtg cag atg ggg gat ttt gtg cgc tac cac tac aac ggc act ttt gaa 303

Val Gln Met Gly Asp Phe Val Arg Tyr His Tyr Asn Gly Thr Phe Glu

60 65 70

gat ggc aag aag ttt gat tca agc tat gat cgc aac acc ttg gtg gcc 351

Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser Tyr Asp Arg Asn Thr Leu Val Ala	
75 80 85 90	
atc gtg gtg ggt gtg ggg cgc ctc atc act ggc atg gac cga ggc ctc	399
Ile Val Val Gly Val Gly Arg Leu Ile Thr Gly Met Asp Arg Gly Leu	
95 100 105	
atg ggc atg tgt gtc aac gag cgg cga cgc ctc att gtg cct ccc cac	447
Met Gly Met Cys Val Asn Glu Arg Arg Arg Leu Ile Val Pro Pro His	
110 115 120	
ctg ggc tat ggg agc atc ggc ctg gcg ggg ctc att cca ccg gat gcc	495
Leu Gly Tyr Gly Ser Ile Gly Leu Ala Gly Leu Ile Pro Pro Asp Ala	
125 130 135	
acc ctc tac ttc gat gtg gtt ctg ctg gat gtg tgg aac aag gaa gac	543
Thr Leu Tyr Phe Asp Val Val Leu Leu Asp Val Trp Asn Lys Glu Asp	
140 145 150	
acc gtg cag gtg agc aca ttg ctg cgc ccg ccc cac tgc ccc cgc atg	591
Thr Val Gln Val Ser Thr Leu Leu Arg Pro Pro His Cys Pro Arg Met	
155 160 165 170	
gtc cag gac ggc gac ttt gtc cgc tac cac tac aat ggc acc ctg ctg	639
Val Gln Asp Gly Asp Phe Val Arg Tyr His Tyr Asn Gly Thr Leu Leu	
175 180 185	
gac ggc acc tcc ttc gac acc agc tac agt aag ggc ggc act tat gac	687
Asp Gly Thr Ser Phe Asp Thr Ser Tyr Ser Lys Gly Gly Thr Tyr Asp	
190 195 200	
acc tac gtc ggc tct ggt tgg ctg atc aag ggc atg gac cag ggg ctg	735
Thr Tyr Val Gly Ser Gly Trp Leu Ile Lys Gly Met Asp Gln Gly Leu	
205 210 215	
ctg ggc atg tgt cct gga gag aga agg aag att atc atc cct cca ttc	783
Leu Gly Met Cys Pro Gly Glu Arg Arg Lys Ile Ile Ile Pro Pro Phe	
220 225 230	

ctg gcc tat ggc gag aaa ggc tat ggg acg gtg atc ccc cca cag gcc	831
Leu Ala Tyr Gly Glu Lys Gly Tyr Gly Thr Val Ile Pro Pro Gln Ala	
235 240 245 250	
tcg ctg gtc ttt cac gtc ctc ctg att gac gtg cac aac ccg aag gac	879
Ser Leu Val Phe His Val Leu Leu Ile Asp Val His Asn Pro Lys Asp	
255 260 265	
gct gtc cag cta gag acg ctg gag ctc ccc ccc ggc tgt gtc cgc aga	927
Ala Val Gln Leu Glu Thr Leu Glu Leu Pro Pro Gly Cys Val Arg Arg	
270 275 280	
gcc ggg gcc ggg gac ttc atg cgc tac cac tac aat ggc tcc ttg atg	975
Ala Gly Ala Gly Asp Phe Met Arg Tyr His Tyr Asn Gly Ser Leu Met	
285 290 295	
gac ggc acc ctc ttc gat tcc agc tac tcc cgc aac cac acc tac aat	1023
Asp Gly Thr Leu Phe Asp Ser Ser Tyr Ser Arg Asn His Thr Tyr Asn	
300 305 310	
acc tat atc ggg cag ggt tac atc atc ccc ggg atg gac cag ggg ctg	1071
Thr Tyr Ile Gly Gln Gly Tyr Ile Ile Pro Gly Met Asp Gln Gly Leu	
315 320 325 330	
cag ggt gcc tgc atg ggg gaa cgc cgg aga att acc atc ccc ccg cac	1119
Gln Gly Ala Cys Met Gly Glu Arg Arg Arg Ile Thr Ile Pro Pro His	
335 340 345	
ctc gcc tat ggg gag aat gga act gga gac aag atc cct ggc tct gcc	1167
Leu Ala Tyr Gly Glu Asn Gly Thr Gly Asp Lys Ile Pro Gly Ser Ala	
350 355 360	
gtg cta atc ttc aac gtc cat gtc att gac ttc cac aac cct gcg gat	1215
Val Leu Ile Phe Asn Val His Val Ile Asp Phe His Asn Pro Ala Asp	
365 370 375	
gtg gtg gaa atc agg aca ctg tcc cgg cca tct gag acc tgc aat gag	1263
Val Val Glu Ile Arg Thr Leu Ser Arg Pro Ser Glu Thr Cys Asn Glu	

380	385	390	
acc acc aag ctt ggg gac ttt gtt cga tac cat tac aac tgt tct ttg			1311
Thr Thr Lys Leu Gly Asp Phe Val Arg Tyr His Tyr Asn Cys Ser Leu			
395	400	405	410
ctg gac ggc acc cag ctg ttc acc tcg cat gac tac ggg gcc ccc cag			1359
Leu Asp Gly Thr Gln Leu Phe Thr Ser His Asp Tyr Gly Ala Pro Gln			
415	420	425	
gag gcg act ctc ggg gcc aac aag gtg atc gaa ggc ctg gac acg ggc			1407
Glu Ala Thr Leu Gly Ala Asn Lys Val Ile Glu Gly Leu Asp Thr Gly			
430	435	440	
ctg cag ggc atg tgt gtg gga gag agg cgg cag ctc atc gtg ccc ccg			1455
Leu Gln Gly Met Cys Val Gly Glu Arg Arg Gln Leu Ile Val Pro Pro			
445	450	455	
cac ctg gcc cac ggg gag agt gga gcc cgg gga gtc cca ggc agt gct			1503
His Leu Ala His Gly Glu Ser Gly Ala Arg Gly Val Pro Gly Ser Ala			
460	465	470	
gtg ctg ctg ttt gag gtg gag ctg gtg tcc cgg gag gat ggg ctg ccc			1551
Val Leu Leu Phe Glu Val Glu Leu Val Ser Arg Glu Asp Gly Leu Pro			
475	480	485	490
aca ggc tac ctg ttt gtg tgg cac aag gac cct cct gcc aac ctg ttt			1599
Thr Gly Tyr Leu Phe Val Trp His Lys Asp Pro Pro Ala Asn Leu Phe			
495	500	505	
gaa gac atg gac ctc aac aag gat ggc gag gtc cct ccg gag gag ttc			1647
Glu Asp Met Asp Leu Asn Lys Asp Gly Glu Val Pro Pro Glu Glu Phe			
510	515	520	
tcc acc ttc atc aag gct caa gtg agt gag ggc aaa gga cgc ctc atg			1695
Ser Thr Phe Ile Lys Ala Gln Val Ser Glu Gly Lys Gly Arg Leu Met			
525	530	535	
cct ggg cag gac cct gag aaa acc ata gga gac atg ttc cag aac cag			1743

Pro Gly Gln Asp Pro Glu Lys Thr Ile Gly Asp Met Phe Gln Asn Gln	
540	545
550	
gac cgc aac cag gac ggc aag atc aca gtc gac gag ctc aag ctg aag	1791
Asp Arg Asn Gln Asp Gly Lys Ile Thr Val Asp Glu Leu Lys Leu Lys	
555	560
565	570
tca gat gag gac gag gag cgg gtc cac gag gag ctc tga ggggcaggga	1840
Ser Asp Glu Asp Glu Glu Arg Val His Glu Glu Leu	
575	580
gcctggccag gcctgagaca cagaggccca ctgcgagggg gacagtggcg gtgggactga	1900
cctgctgaca gtcacctcc ctctgctggg atgaggcca ggagccaact aaaacaatgg	1960
cagaggagac atctctggtg ttcccaccac cctagatgaa aatccacagc acagacctct	2020
accgtgttcc tcttccatcc ctaaaccact tccttaaaat gtttggattt gcaaagccaa	2080
tttggggcct gtggagcctg gggttggata gggccatggc tggccccca ccataacctcc	2140
cctccacatc actgacacag ctgagcttgt tatccatctc cccaaacttt ctctttcttt	2200
gtacttcttg tcatccccac tccagcccc tatctctcta tgtgacagct ggctaggacc	2260
cctctgcctt cctccccaat cctgactggc tcctagggaa ggggaaggct cctggagggc	2320
agccctacct ctcccatgcc ctttggccctc ctccctcgcc tccagtggag gctgagctga	2380
ccctgggctg ctggaggcca gactgggctg tagttagctt ttcatcccta aagaaggctt	2440
tcctaagga accatagaag agaggaagaa aacaaagggc atgtgtgagg gaagctgctt	2500
gggtgggtgt tagggctatg aaatcttga tttggggctg aggggtggga gggagggcag	2560
agctctgcac actcaaaggc taaactggtg tcagtccttt tttcctttgt tccaaataaa	2620
agattaaacc	2630

[0 0 8 4]

<210> 23

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (89)...(1321)

<400> 23

aaaaagactc cgccttccca agagcccctg cggccgggcg cgaaaatggc ggcggcggcg	60
acggccgggc gctcctgaag cagcagtt atg gag ctt ccc tca ggg ccg ggg	112
Met Glu Leu Pro Ser Gly Pro Gly	
1 5	
ccg gag cgg ctc ttt gac tgc cac cgg ctt ccg ggt gac tgc ttc cta	160
Pro Glu Arg Leu Phe Asp Ser His Arg Leu Pro Gly Asp Cys Phe Leu	
10 15 20	
ctg ctc gtg ctg ctg ctc tac gcg cca gtc ggg ttc tgc ctc ctc gtc	208
Leu Leu Val Leu Leu Leu Tyr Ala Pro Val Gly Phe Cys Leu Leu Val	
25 30 35 40	
ctg cgc ctc ttt ctc ggg atc cac gtc ttc ctg gtc agc tgc gcg ctg	256
Leu Arg Leu Phe Leu Gly Ile His Val Phe Leu Val Ser Cys Ala Leu	
45 50 55	
cca gac agc gtc ctt cgc aga ttc gta gtg cgg acc atg tgt gcg gtg	304
Pro Asp Ser Val Leu Arg Arg Phe Val Val Arg Thr Met Cys Ala Val	
60 65 70	
cta ggg ctc gtg gcc cgg cag gag gac tcc gga ctc cgg gat cac agt	352
Leu Gly Leu Val Ala Arg Gln Glu Asp Ser Gly Leu Arg Asp His Ser	
75 80 85	
gtc agg gtc ctc att tcc aac cat gtg aca cct ttc gac cac aac ata	400
Val Arg Val Leu Ile Ser Asn His Val Thr Pro Phe Asp His Asn Ile	
90 95 100	
gtc aat ttg ctt acc acc tgt agc acc cct cta ctc aat agt ccc ccc	448
Val Asn Leu Leu Thr Thr Cys Ser Thr Pro Leu Leu Asn Ser Pro Pro	
105 110 115 120	
agc ttt gtg tgc tgg tct cgg ggc ttc atg gag atg aat ggg cgg ggg	496
Ser Phe Val Cys Trp Ser Arg Gly Phe Met Glu Met Asn Gly Arg Gly	

125	130	135	
gag ttg gtg gag tca ctc aag aga ttc tgt gct tcc acg agg ctt ccc			544
Glu Leu Val Glu Ser Leu Lys Arg Phe Cys Ala Ser Thr Arg Leu Pro			
140	145	150	
ccc act cct ctg ctg cta ttc cct gag gaa gag gcc acc aat ggc cgg			592
Pro Thr Pro Leu Leu Leu Phe Pro Glu Glu Glu Ala Thr Asn Gly Arg			
155	160	165	
gag ggg ctc ctg cgc ttc agt tcc tgg cca ttt tct atc caa gat gtg			640
Glu Gly Leu Leu Arg Phe Ser Ser Trp Pro Phe Ser Ile Gln Asp Val			
170	175	180	
gta caa cct ctt acc ctg caa gtt cag aga ccc ctg gtc tct gtg acg			688
Val Gln Pro Leu Thr Leu Gln Val Gln Arg Pro Leu Val Ser Val Thr			
185	190	195	200
gtg tca gat gcc tcc tgg gtc tca gaa ctg ctg tgg tca ctt ttc gtc			736
Val Ser Asp Ala Ser Trp Val Ser Glu Leu Leu Trp Ser Leu Phe Val			
205	210	215	
cct ttc acg gtg tat caa gta agg tgg ctt cgt cct gtt cat cgc caa			784
Pro Phe Thr Val Tyr Gln Val Arg Trp Leu Arg Pro Val His Arg Gln			
220	225	230	
cta ggg gaa gcg aat gag gag ttt gca ctc cgt gta caa cag ctg gtg			832
Leu Gly Glu Ala Asn Glu Glu Phe Ala Leu Arg Val Gln Gln Leu Val			
235	240	245	
gcc aag gaa ttg ggc cag aca ggg aca cgg ctc act cca gct gac aaa			880
Ala Lys Glu Leu Gly Gln Thr Gly Thr Arg Leu Thr Pro Ala Asp Lys			
250	255	260	
gca gag cac atg aag cga caa aga cac ccc aga ttg cgc ccc cag tca			928
Ala Glu His Met Lys Arg Gln Arg His Pro Arg Leu Arg Pro Gln Ser			
265	270	275	280
gcc cag tct tct ttc cct ccc tcc cct ggt cct tct cct gat gtg caa			976

Ala Gln Ser Ser Phe Pro Pro Ser Pro Gly Pro Ser Pro Asp Val Gln	
285 290 295	
ctg gca act ctg gct cag aga gtc aag gaa gtt ttg ccc cat gtg cca	1024
Leu Ala Thr Leu Ala Gln Arg Val Lys Glu Val Leu Pro His Val Pro	
300 305 310	
ttg ggt gtc atc cag aga gac ctg gcc aag act ggc tgt gta gac ttg	1072
Leu Gly Val Ile Gln Arg Asp Leu Ala Lys Thr Gly Cys Val Asp Leu	
315 320 325	
act atc act aat ctg ctt gag ggg gcc gta gct ttc atg cct gaa gac	1120
Thr Ile Thr Asn Leu Leu Glu Gly Ala Val Ala Phe Met Pro Glu Asp	
330 335 340	
atc acc aag gga act cag tcc cta ccc aca gcc tct gcc tcc aag ttt	1168
Ile Thr Lys Gly Thr Gln Ser Leu Pro Thr Ala Ser Ala Ser Lys Phe	
345 350 355 360	
ccc agc tct ggc ccg gtg acc cct cag cca aca gcc cta aca ttt gcc	1216
Pro Ser Ser Gly Pro Val Thr Pro Gln Pro Thr Ala Leu Thr Phe Ala	
365 370 375	
aag tct tcc tgg gcc cgg cag gag agc ctg cag gag cgc aag caa gca	1264
Lys Ser Ser Trp Ala Arg Gln Glu Ser Leu Gln Glu Arg Lys Gln Ala	
380 385 390	
cta tat gaa tac gca aga agg aga ttc aca gag aga cga gcc cag gag	1312
Leu Tyr Glu Tyr Ala Arg Arg Arg Phe Thr Glu Arg Arg Ala Gln Glu	
395 400 405	
gct gac tgagctcaaa ggaacaggat ggcacccaga gccgcaggac ggagactggg gg	1370
Ala Asp	
410	
cagccctcac ccaactcaca acaggctgga tgggtgggtg gtaaaaaggg aaggatgagg	1430
ctcccccaat gtcacattaa attcatggtt ttcatccaag gc	1472
[0 0 8 5]	

<210> 24

<211> 1652

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (17)...(1468)

<400> 24

aaagcggcgg cggagg atg gag gaa gga ggc ggc ggc gta cgg agt ctg gtc 52

Met Glu Glu Gly Gly Gly Gly Val Arg Ser Leu Val

1 5 10

ccg ggc ggg ccg gtg tta ctg gtc ctc tgc ggc ctc ctg gag gcg tcc 100

Pro Gly Gly Pro Val Leu Leu Val Leu Cys Gly Leu Leu Glu Ala Ser

15 20 25

ggc ggc ggc cga gcc ctt cct caa ctc agc gat gac atc cct ttc cga 148

Gly Gly Gly Arg Ala Leu Pro Gln Leu Ser Asp Asp Ile Pro Phe Arg

30 35 40

gtc aac tgg ccc ggc acc gag ttc tct ctg ccc aca act gga gtt tta 196

Val Asn Trp Pro Gly Thr Glu Phe Ser Leu Pro Thr Thr Gly Val Leu

45 50 55 60

tat aaa gaa gat aat tat gtc atc atg aca act gca cat aaa gaa aaa 244

Tyr Lys Glu Asp Asn Tyr Val Ile Met Thr Thr Ala His Lys Glu Lys

65 70 75

tat aaa tgc ata ctt ccc ctt gtg aca agt ggg gat gag gaa gaa gaa 292

Tyr Lys Cys Ile Leu Pro Leu Val Thr Ser Gly Asp Glu Glu Glu Glu

80 85 90

aag gat tat aaa ggc cct aat cca aga gag ctt ttg gag cca cta ttt 340

Lys Asp Tyr Lys Gly Pro Asn Pro Arg Glu Leu Leu Glu Pro Leu Phe

95 100 105

aaa caa agc agt tgt tcc tac aga att gag tct tat tgg act tac gaa	388
Lys Gln Ser Ser Cys Ser Tyr Arg Ile Glu Ser Tyr Trp Thr Tyr Glu	
110 115 120	
gta tgt cat gga aaa cac att cgg cag tac cat gaa gag aaa gaa act	436
Val Cys His Gly Lys His Ile Arg Gln Tyr His Glu Glu Lys Glu Thr	
125 130 135 140	
ggt cag aaa ata aat att cac gag tac tac ctt ggg aat atg ttg gcc	484
Gly Gln Lys Ile Asn Ile His Glu Tyr Tyr Leu Gly Asn Met Leu Ala	
145 150 155	
aag aac ctt cta ttt gaa aaa gaa cga gaa gca gaa gaa aag gaa aaa	532
Lys Asn Leu Leu Phe Glu Lys Glu Arg Glu Ala Glu Glu Lys Glu Lys	
160 165 170	
tca aat gag att ccc act aaa aat atc gaa ggt cag atg aca cca tac	580
Ser Asn Glu Ile Pro Thr Lys Asn Ile Glu Gly Gln Met Thr Pro Tyr	
175 180 185	
tat cct gtg gga atg gga aat ggt aca cct tgt agt ttg aaa cag aac	628
Tyr Pro Val Gly Met Gly Asn Gly Thr Pro Cys Ser Leu Lys Gln Asn	
190 195 200	
cgg ccc aga tca agt act gtg atg tac ata tgt cat cct gaa tct aag	676
Arg Pro Arg Ser Ser Thr Val Met Tyr Ile Cys His Pro Glu Ser Lys	
205 210 215 220	
cat gaa att ctt tca gta gct gaa gtt aca act tgt gaa tat gaa gtt	724
His Glu Ile Leu Ser Val Ala Glu Val Thr Thr Cys Glu Tyr Glu Val	
225 230 235	
gtc att ttg aca cca ctc ttg tgc agt cat cct aaa tat agg ttc aga	772
Val Ile Leu Thr Pro Leu Leu Cys Ser His Pro Lys Tyr Arg Phe Arg	
240 245 250	
gca tct cct gtg aat gac ata ttt tgt caa tca ctg cca gga tct cca	820
Ala Ser Pro Val Asn Asp Ile Phe Cys Gln Ser Leu Pro Gly Ser Pro	

255	260	265	
ttt aag ccc ctc acc ctg agg cag ctg gag cag cag gaa gaa ata cta			868
Phe Lys Pro Leu Thr Leu Arg Gln Leu Glu Gln Gln Glu Glu Ile Leu			
270	275	280	
agg gtg cct ttt agg aga aat aaa gag gaa gat ttg caa tca act aaa			916
Arg Val Pro Phe Arg Arg Asn Lys Glu Glu Asp Leu Gln Ser Thr Lys			
285	290	295	300
gaa gag aga ttt cca gcg atc cac aag tcg att gct att ggc tct cag			964
Glu Glu Arg Phe Pro Ala Ile His Lys Ser Ile Ala Ile Gly Ser Gln			
305	310	315	
cca gtg ctc act gtt ggg aca acc cac ata tcc aaa ttg aca gat gac			1012
Pro Val Leu Thr Val Gly Thr Thr His Ile Ser Lys Leu Thr Asp Asp			
320	325	330	
caa ctc ata aaa gag ttt ctt agt ggt tct tac tgc ttt cgt ggg ggt			1060
Gln Leu Ile Lys Glu Phe Leu Ser Gly Ser Tyr Cys Phe Arg Gly Gly			
335	340	345	
gtc ggt tgg tgg aaa tat gaa ttc tgc tat ggc aaa cat gta cat caa			1108
Val Gly Trp Trp Lys Tyr Glu Phe Cys Tyr Gly Lys His Val His Gln			
350	355	360	
tac cat gag gac aag gat agt ggg aaa acc tct gtg gtt gtc ggg aca			1156
Tyr His Glu Asp Lys Asp Ser Gly Lys Thr Ser Val Val Val Gly Thr			
365	370	375	380
tgg aac caa gaa gag cat att gaa tgg gct aag aag aat act gct aga			1204
Trp Asn Gln Glu Glu His Ile Glu Trp Ala Lys Lys Asn Thr Ala Arg			
385	390	395	
gct tat cat ctt caa gac gat ggt acc cag aca gtc agg atg gtg tca			1252
Ala Tyr His Leu Gln Asp Asp Gly Thr Gln Thr Val Arg Met Val Ser			
400	405	410	
cat ttt tat gga aat gga gat att tgt gat ata act gac aaa cca aga			1300

His Phe Tyr Gly Asn Gly Asp Ile Cys Asp Ile Thr Asp Lys Pro Arg
 415 420 425
 cag gtg act gta aaa cta aag tgc aaa gaa tca gat tca cct cat gct 1348
 Gln Val Thr Val Lys Leu Lys Cys Lys Glu Ser Asp Ser Pro His Ala
 430 435 440
 gtt act gta tat atg cta gag cct cac tcc tgt caa tat att ctt ggg 1396
 Val Thr Val Tyr Met Leu Glu Pro His Ser Cys Gln Tyr Ile Leu Gly
 445 450 455 460
 gtt gaa tct cca gtg atc tgt aaa atc tta gat aca gca gat gaa aat 1444
 Val Glu Ser Pro Val Ile Cys Lys Ile Leu Asp Thr Ala Asp Glu Asn
 465 470 475
 gga ctt ctt tct ctc ccc aac taaaggatat taaagttagg ggaaa 1490
 Gly Leu Leu Ser Leu Pro Asn
 480
 gaaaagatca ttgaaagtca tgataatttc tgtccactg tgtctcatta tagagttctc 1550
 agccattgga cctcttctaa aggatggat aaaatgactc tcaaccactt tgtgaataca 1610
 tatgtgtata taagaggita ttgataaact tctgaggcag ac 1652
 [0 0 8 6]
 <210> 25
 <211> 2112
 <212> DNA
 <213> Homo sapience
 <220>
 <221> CDS
 <222> (20)...(1843)
 <400> 25
 attttggtgg gtgagcagc atg ggc ttt gag gag ctg ctg gag cag gtg ggc 52
 Met Gly Phe Glu Glu Leu Leu Glu Gln Val Gly

1

5

10

ggc ttt ggg ccc ttc caa ctg cgg aat gtg gca ctg ctg gcc ctg ccc	100
Gly Phe Gly Pro Phe Gln Leu Arg Asn Val Ala Leu Leu Ala Leu Pro	
15 20 25	
cga gtg ctg cta cca ctg cac ttc ctc ctg ccc atc ttc ctg gct gcc	148
Arg Val Leu Leu Pro Leu His Phe Leu Leu Pro Ile Phe Leu Ala Ala	
30 35 40	
gtg cct gcc cac cga tgt gcc ctg ccg ggt gcc cct gcc aac ttc agc	196
Val Pro Ala His Arg Cys Ala Leu Pro Gly Ala Pro Ala Asn Phe Ser	
45 50 55	
cat cag gat gtg tgg ctg gag gcc cat ctt ccc cgg gag cct gat ggc	244
His Gln Asp Val Trp Leu Glu Ala His Leu Pro Arg Glu Pro Asp Gly	
60 65 70 75	
acg ctc agc tcc tgc ctc cgc ttt gcc tat ccc cag gct ctc ccc aac	292
Thr Leu Ser Ser Cys Leu Arg Phe Ala Tyr Pro Gln Ala Leu Pro Asn	
80 85 90	
acc acg ttg ggg gaa gaa agg cag agc cgt ggg gag ctg gag gat gaa	340
Thr Thr Leu Gly Glu Glu Arg Gln Ser Arg Gly Glu Leu Glu Asp Glu	
95 100 105	
cct gcc aca gtg ccc tgc tct cag ggc tgg gag tac gac cac tca gaa	388
Pro Ala Thr Val Pro Cys Ser Gln Gly Trp Glu Tyr Asp His Ser Glu	
110 115 120	
ttc tcc tct acc att gca act gag tcc cag gtc ggt att tac ata atc	436
Phe Ser Ser Thr Ile Ala Thr Glu Ser Gln Val Gly Ile Tyr Ile Ile	
125 130 135	
cat ctg gag gtg gaa tgt cgg tgg agg cag tct ccc tgg gag gca gca	484
His Leu Glu Val Glu Cys Arg Trp Arg Gln Ser Pro Trp Glu Ala Ala	
140 145 150 155	
ggt cga ggc ctt cct tgg gaa gaa gct gag gct gca gga ctg ggg agg	532
Gly Arg Gly Leu Pro Trp Glu Glu Ala Glu Ala Ala Gly Leu Gly Arg	

160	165	170	
gac aaa gtt tcc tat tcc cca agc tgg cgt gaa tcg ttg gga ggt tta			580
Asp Lys Val Ser Tyr Ser Pro Ser Trp Arg Glu Ser Leu Gly Gly Leu			
175	180	185	
tta tct ggc atg gag tgg gat ctg gtg tgt gag cag aaa ggt ctg aac			628
Leu Ser Gly Met Glu Trp Asp Leu Val Cys Glu Gln Lys Gly Leu Asn			
190	195	200	
aga gct gcg tcc act ttc ttc ttc gcc ggt gtg ctg gtg ggg gct gtg			676
Arg Ala Ala Ser Thr Phe Phe Phe Ala Gly Val Leu Val Gly Ala Val			
205	210	215	
gcc ttt gga tat ctg tcc gac agg ttt ggg cgg cgg cgt ctg ctg ctg			724
Ala Phe Gly Tyr Leu Ser Asp Arg Phe Gly Arg Arg Arg Leu Leu Leu			
220	225	230	235
gta gcc tac gtg agt acc ctg gtg ctg ggc ctg gca tct gca gcc tcc			772
Val Ala Tyr Val Ser Thr Leu Val Leu Gly Leu Ala Ser Ala Ala Ser			
240	245	250	
gtc agc tat gta atg ttt gcc atc acc cgc acc ctt act ggc tca gcc			820
Val Ser Tyr Val Met Phe Ala Ile Thr Arg Thr Leu Thr Gly Ser Ala			
255	260	265	
ctg gct ggt ttt acc atc atc gtg atg cca ctg gag ctg gag tgg ctg			868
Leu Ala Gly Phe Thr Ile Ile Val Met Pro Leu Glu Leu Glu Trp Leu			
270	275	280	
gat gtg gag cac cgc acc gtg gct gga gtc ctg agc agc acc ttc tgg			916
Asp Val Glu His Arg Thr Val Ala Gly Val Leu Ser Ser Thr Phe Trp			
285	290	295	
aca ggg ggc gtg atg ctg ctg gca ctg gtt ggg tac ctg ata cgg gac			964
Thr Gly Gly Val Met Leu Leu Ala Leu Val Gly Tyr Leu Ile Arg Asp			
300	305	310	315
tgg cga tgg ctt ctg cta gct gtc acc ctg cct tgt gcc cca ggc atc			1012

Trp Arg Trp Leu Leu Leu Ala Val Thr Leu Pro Cys Ala Pro Gly Ile	
320 325 330	
ctc agc ctc tgg tgg gtg cct gag tct gca cgc tgg ctt ctg acc caa	1060
Leu Ser Leu Trp Trp Val Pro Glu Ser Ala Arg Trp Leu Leu Thr Gln	
335 340 345	
ggc cat gtg aaa gag gcc cac agg tac ttg ctc cac tgt gcc agg ctc	1108
Gly His Val Lys Glu Ala His Arg Tyr Leu Leu His Cys Ala Arg Leu	
350 355 360	
aat ggg cgg cca gtg tgt gag gac agc ttc agc cag gag gct gtg agc	1156
Asn Gly Arg Pro Val Cys Glu Asp Ser Phe Ser Gln Glu Ala Val Ser	
365 370 375	
aaa gtg gcc gcc ggg gaa cgg gtg gtc cga aga cct tca tac cta gac	1204
Lys Val Ala Ala Gly Glu Arg Val Val Arg Arg Pro Ser Tyr Leu Asp	
380 385 390 395	
ctg ttc cgc aca cca cgg ctc cga cac atc tca ctg tgc tgc gtg gtg	1252
Leu Phe Arg Thr Pro Arg Leu Arg His Ile Ser Leu Cys Cys Val Val	
400 405 410	
gtg tgg ttc gga gtg aac ttc tcc tat tac ggc ctg agt ctg gat gtg	1300
Val Trp Phe Gly Val Asn Phe Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Leu Asp Val	
415 420 425	
tcg ggg ctg ggg ctg aac gtg tac cag aca cag ctg ttg ttc ggg gct	1348
Ser Gly Leu Gly Leu Asn Val Tyr Gln Thr Gln Leu Leu Phe Gly Ala	
430 435 440	
gtg gaa ctg ccc tcc aag ctg ctg gtc tac ttg tcg gtg cgc tac gca	1396
Val Glu Leu Pro Ser Lys Leu Leu Val Tyr Leu Ser Val Arg Tyr Ala	
445 450 455	
gga cgc cgc ctc acg caa gcc ggg aca ctg ctg ggc acg gcc ctg gcg	1444
Gly Arg Arg Leu Thr Gln Ala Gly Thr Leu Leu Gly Thr Ala Leu Ala	
460 465 470 475	

ttc ggc act aga ctg cta gtg tcc tct gat atg aag tcc tgg agc act	1492
Phe Gly Thr Arg Leu Leu Val Ser Ser Asp Met Lys Ser Trp Ser Thr	
480 485 490	
gtc ctg gca gtg atg ggg aaa gct ttt tct gaa gct gcc ttc acc act	1540
Val Leu Ala Val Met Gly Lys Ala Phe Ser Glu Ala Ala Phe Thr Thr	
495 500 505	
gcc tac ctg ttc act tca gag ttg tac cct acg gtg ctc aga cag aca	1588
Ala Tyr Leu Phe Thr Ser Glu Leu Tyr Pro Thr Val Leu Arg Gln Thr	
510 515 520	
ggg atg ggg ctg act gca ctg gtg ggc cgg ctg ggg ggc tct ttg gcc	1636
Gly Met Gly Leu Thr Ala Leu Val Gly Arg Leu Gly Gly Ser Leu Ala	
525 530 535	
cca ctg gcg gcc ttg ctg gat gga gtg tgg ctg tca ctg ccc aag ctt	1684
Pro Leu Ala Ala Leu Leu Asp Gly Val Trp Leu Ser Leu Pro Lys Leu	
540 545 550 555	
act tat ggg ggg atc gcc ctg ctg gct gcc ggc acc gcc ctc ctg ctg	1732
Thr Tyr Gly Gly Ile Ala Leu Leu Ala Ala Gly Thr Ala Leu Leu Leu	
560 565 570	
cca gag acg agg cag gca cag ctg cca gag acc atc cag gac gtg gag	1780
Pro Glu Thr Arg Gln Ala Gln Leu Pro Glu Thr Ile Gln Asp Val Glu	
575 580 585	
aga aag agt gcc cca acc agt ctt cag gag gaa gag atg ccc atg aag	1828
Arg Lys Ser Ala Pro Thr Ser Leu Gln Glu Glu Glu Met Pro Met Lys	
590 595 600	
cag gtc cag aac taagtgggag tggaggcagg ccctccacag aagctctgca	1880
Gln Val Gln Asn	
605	
gcaggggctg ggagagcaga agggcaggcc ctgcaactca ggctgggagt atcgaaccct	1940
ctgcctaggg ccggagtgc tgccagtacc cgctccctct gctcatccat ccttgattat	2000

ttggcttcta ggaacagtig acttcccaga atgcagtggg ctgctgggca cccctctcac 2060
 ggttggggag gattctgtaa ataaaggtgc cccttgggtt ggggcagtgg tg 2112
 <210> 26
 <211> 1087
 <212> DNA
 <213> Homo sapience
 <220>
 <221> CDS
 <222> (33)...(977)
 <400> 26
 agagggggcg tcaggccgcg ggagaggagg cc atg ggc gcg cgc ggg gcg ctg 53
 Met Gly Ala Arg Gly Ala Leu
 1 5
 ctg ctg gcg ctg ctg ctg gct cgg gct gga ctc agg aag ccg gag tcg 101
 Leu Leu Ala Leu Leu Leu Ala Arg Ala Gly Leu Arg Lys Pro Glu Ser
 10 15 20
 cag gag gcg gcg ccg tta tca gga cca tgc ggc cga cgg gtc atc acg 149
 Gln Glu Ala Ala Pro Leu Ser Gly Pro Cys Gly Arg Arg Val Ile Thr
 25 30 35
 tcg cgc atc gtg ggt gga gag gac gcc gaa ctc ggg cgt tgg ccg tgg 197
 Ser Arg Ile Val Gly Gly Glu Asp Ala Glu Leu Gly Arg Trp Pro Trp
 40 45 50 55
 cag ggg agc ctg cgc ctg tgg gat tcc cac gta tgc gga gtg agc ctg 245
 Gln Gly Ser Leu Arg Leu Trp Asp Ser His Val Cys Gly Val Ser Leu
 60 65 70
 ctc agc cac cgc tgg gca ctc acg gcg gcg cac tgc ttt gaa acc tat 293
 Leu Ser His Arg Trp Ala Leu Thr Ala Ala His Cys Phe Glu Thr Tyr
 75 80 85
 agt gac ctt agt gat ccc tcc ggg tgg atg gtc cag ttt ggc cag ctg 341

Ser Asp Leu Ser Asp Pro Ser Gly Trp Met Val Gln Phe Gly Gln Leu	
90 95 100	
act tcc atg cca tcc ttc tgg agc ctg cag gcc tac tac acc cgt tac	389
Thr Ser Met Pro Ser Phe Trp Ser Leu Gln Ala Tyr Tyr Thr Arg Tyr	
105 110 115	
ttc gta tcg aat atc tat ctg agc cct cgc tac ctg ggg aat tca ccc	437
Phe Val Ser Asn Ile Tyr Leu Ser Pro Arg Tyr Leu Gly Asn Ser Pro	
120 125 130 135	
tat gac att gcc ttg gtg aag ctg tct gca cct gtc acc tac act aaa	485
Tyr Asp Ile Ala Leu Val Lys Leu Ser Ala Pro Val Thr Tyr Thr Lys	
140 145 150	
cac atc cag ccc atc tgt ctc cag gcc tcc aca ttt gag ttt gag aac	533
His Ile Gln Pro Ile Cys Leu Gln Ala Ser Thr Phe Glu Phe Glu Asn	
155 160 165	
cgg aca gac tgc tgg gtg act ggc tgg ggg tac atc aaa gag gat gag	581
Arg Thr Asp Cys Trp Val Thr Gly Trp Gly Tyr Ile Lys Glu Asp Glu	
170 175 180	
gca ctg cca tct ccc cac acc ctc cag gaa gtt cag gtc gcc atc ata	629
Ala Leu Pro Ser Pro His Thr Leu Gln Glu Val Gln Val Ala Ile Ile	
185 190 195	
aac aac tct atg tgc aac cac ctc ttc ctc aag tac agt ttc cgc aag	677
Asn Asn Ser Met Cys Asn His Leu Phe Leu Lys Tyr Ser Phe Arg Lys	
200 205 210 215	
gac atc ttt gga gac atg gtt tgt gct ggc aat gcc caa ggc ggg aag	725
Asp Ile Phe Gly Asp Met Val Cys Ala Gly Asn Ala Gln Gly Gly Lys	
220 225 230	
gat gcc tgc ttc ggt gac tca ggt gga ccc ttg gcc tgt aac aag aat	773
Asp Ala Cys Phe Gly Asp Ser Gly Gly Pro Leu Ala Cys Asn Lys Asn	
235 240 245	

gga ctg tgg tat cag att gga gtc gtg agc tgg gga gtg ggc tgt ggt	821
Gly Leu Trp Tyr Gln Ile Gly Val Val Ser Trp Gly Val Gly Cys Gly	
250 255 260	
cgg ccc aat cgg ccc ggt gtc tac acc aat atc agc cac cac ttt gag	869
Arg Pro Asn Arg Pro Gly Val Tyr Thr Asn Ile Ser His His Phe Glu	
265 270 275	
tgg atc cag aag ctg atg gcc cag agt ggc atg tcc cag cca gac ccc	917
Trp Ile Gln Lys Leu Met Ala Gln Ser Gly Met Ser Gln Pro Asp Pro	
280 285 290 295	
tcc tgg ccg cta ctc ttt ttc cct ctt ctc tgg gct ctc cca ctc ctg	965
Ser Trp Pro Leu Leu Phe Phe Pro Leu Leu Trp Ala Leu Pro Leu Leu	
300 305 310	
ggg ccg gtc tgagcctacc tgagcccatg cagcctgggg ccactgcca gtcagg	1020
Gly Pro Val	
ccctggttct ctctgtctt gtttgtaaat aaacacattc cagttgatgc cttgcagggc	1080
attcttc	1087
[0087]	
<210> 27	
<211> 1694	
<212> DNA	
<213> Homo sapience	
<220>	
<221> CDS	
<222> (216)...(500)	
<400> 27	
cccgaagttt gaggggtgtg gacggtttgt gacccccctta gccgacccta ctctcactg	60
gccgggacaa ctggtcttat cacggaggct ggggccaggc agcccttcgg ttcgggtggg	120
cccatggacc ccagtccaac gccgagggaa taggaccatc caaaagcgga accttcgcct	180

cagaaaaagg cgtggaccct gccagcagcc aggcc atg gag ctc tct gat gtc 233
Met Glu Leu Ser Asp Val
1 5

acc ctc att gag ggt gtg ggt aat gag gtg atg gtg gtg gca ggt gtg 281
Thr Leu Ile Glu Gly Val Gly Asn Glu Val Met Val Val Ala Gly Val
10 15 20

gtg gtg ctg att cta gcc ttg gtc cta gct tgg ctc tct acc tac gta 329
Val Val Leu Ile Leu Ala Leu Val Leu Ala Trp Leu Ser Thr Tyr Val
25 30 35

gca gac agc ggt agc aac cag ctc ctg ggc gct att gtg tca gca ggc 377
Ala Asp Ser Gly Ser Asn Gln Leu Leu Gly Ala Ile Val Ser Ala Gly
40 45 50

gac aca tcc gtc ctc cac ctg ggg cat gtg gac cac ctg gtg gca ggc 425
Asp Thr Ser Val Leu His Leu Gly His Val Asp His Leu Val Ala Gly
55 60 65 70

caa ggc aac ccc gag cca act gaa ctc ccc cat cca tca gag gca aat 473
Gln Gly Asn Pro Glu Pro Thr Glu Leu Pro His Pro Ser Glu Ala Asn
75 80 85

act tcc ctg gac aag aaa gcc aga tgaaactgat ctaccagggc cgc 520
Thr Ser Leu Asp Lys Lys Ala Arg
90

ctgctacaag acccagcccg cacactgcgt tctctgaaca ttaccgacaa ctgtgtgatt 580
cactgccacc gctcaccccc agggtcagct gttccaggcc cctcagcctc cttggccccc 640
tcggccactg agccaccag ccttgggtgtc aatgtgggca gcctcatggt gcctgtcttt 700
gtggtgctgt tgggtgtggt ctggtacttc cgaatcaatt accgccaatt cttcacagca 760
cctgccactg tctccctggt gggagtcacc gtcttcttca gcttcctagt atttgggatg 820
tatggacgat aaggacatag gaagaaaatg aaaggcatgg tctttctcct ttatggcctc 880
cccacttttc ctggccagag ctgggcccga gggccgggga gggaggggtg gaaaggatgt 940
gatggaaatc tctccatag gacacaggag gcaagtatgc ggcctcccct tctcatccac 1000

aggagtacag atgtccctcc cgtgcgagca caactcaggt agaaatgagg atgtcatctt 1060
 ccttcacttt tagggtcctc tgaaggagtt caaagctgct ggccaagctc agtggggagc 1120
 ctgggctctg agattccctc ccacctgtgg ttctgactct tcccagtgct ctgcatgtct 1180
 gccccagca cccagggctg cctgcaaggg cagctcagca tggccccagc acaactccgt 1240
 agggagcctg gagtatcctt ccatttctca gccaaatact catcttttga gactgaaatc 1300
 acactggcgg gaatgaagat tgtgccagcc ttctcttatg ggcacctagc cgccttcacc 1360
 ttcttccctt accccttagc aggaataggg tgtccctcct tctttcaaag cactttgctt 1420
 gcattttatt ttattttttt aagagtcctt catagagctc agtcaggaag gggatggggc 1480
 accaagccaa gccccagca ttgggagcgg ccaggccaca gctgctgctc ccgtagtcct 1540
 caggctgtaa gcaagagaca gcactggccc ttggccagcg tcctaccctg cccaactcca 1600
 aggactgggt atggattgct gggccctagg ctcttgcttc tggggctatt ggagggtcag 1660
 tgtctgtgac tgaataaagt tccattttgt ggtc 1694

[0088]

<210> 28

<211> 1522

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (12)...(668)

<400> 28

cctttcccaa g atg gcg tcg aag ata ggt tcg aga cgg tgg atg ttg cag 50
 Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln
 1 5 10
 ctg atc atg cag ttg ggt tcg gtg ctg ctc aca cgc tgc ccc ttt tgg 98
 Leu Ile Met Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp
 15 20 25
 ggc tgc ttc agc cag ctc atg ctg tac gct gag agg gct gag gca cgc 146
 Gly Cys Phe Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg

30	35	40	45	
cgg aag ccc gac atc cca gtg cct tac ctg tat ttc gac atg ggg gca				194
Arg Lys Pro Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala				
50	55	60		
gcc gtg ctg tgc gct agt ttc atg tcc ttt ggc gtg aag cgg cgc tgg				242
Ala Val Leu Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp				
65	70	75		
ttc gcg ctg ggg gcc gca ctc caa ttg gcc att agc acc tac gcc gcc				290
Phe Ala Leu Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala				
80	85	90		
tac atc ggg ggc tac gtc cac tac ggg gac tgg ctg aag gtc cgt atg				338
Tyr Ile Gly Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met				
95	100	105		
tac tcg cgc aca gtt gcc atc atc ggc gga ctt tct tgt gtt ggc cag				386
Tyr Ser Arg Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Leu Ser Cys Val Gly Gln				
110	115	120	125	
cgg tgc tgg gga gct gta ccg ccg gaa acc tcg cag ccg ctc cct gca				434
Arg Cys Trp Gly Ala Val Pro Pro Glu Thr Ser Gln Pro Leu Pro Ala				
130	135	140		
gtc cac cgg cca ggt gtt cct ggg tat cta cct cat ctg tgt ggc cta				482
Val His Arg Pro Gly Val Pro Gly Tyr Leu Pro His Leu Cys Gly Leu				
145	150	155		
ctc act gca gca cag caa gga gga ccg gct ggc gta tct gaa cca tct				530
Leu Thr Ala Ala Gln Gln Gly Gly Pro Ala Gly Val Ser Glu Pro Ser				
160	165	170		
ccc agg agg gga gct gat gat cca gct gtt ctt cgt gct gta tgg cat				578
Pro Arg Arg Gly Ala Asp Asp Pro Ala Val Leu Arg Ala Val Trp His				
175	180	185		
cct ggc cct ggc ctt tct gtc agg cta cta cgt gac cct cgc tgc cca				626

Pro Gly Pro Gly Leu Ser Val Arg Leu Leu Arg Asp Pro Arg Cys Pro
 190 195 200 205
 gat cct ggc tgt act gct gcc ccc tgt cat gct gct cat tgatg 670
 Asp Pro Gly Cys Thr Ala Ala Pro Cys His Ala Ala His
 210 215
 gcaatgttgc ttactggcac aacacgcggc gtgttagatt ctggaaccag atgaagctcc 730
 ttggagagag tgtgggcatc ttcggaactg ctgtcatctg gccactgatg gctgagtttt 790
 atggcaagag gctgagatgg gcacagggag ccactgaggg tcaccctgcc ttcctccttg 850
 ctggcccagc tgctgtttat ttatgcittt tggctcgttt gtttgatctt ttgctttttt 910
 aaaattgttt ttgacagtta agaggcagct catttgtcca aatttctggg ctgagcgctt 970
 gggagggcag gagccctggc actaatgctg tacaggtttt tttcctgtta ggagagctga 1030
 ggccagctgc ccactgagtc tctgtccct gagaaggag tatggcaggg ctgggatgcg 1090
 gctactgaga gtgggagagt gggagacaga ggaaggaaga tggagattgg aagtgagcaa 1150
 atgtgaaaaa ttcctctttg aacctggcag atgcagctag gctctgcagt gctgtttgga 1210
 gactgtgaga gggagtgcgt gtgttgacac atgtggatca ggcccaggaa gggcacaggg 1270
 gctgagcact acagaagtca catgggttct cagggtatgc caggggcaga aacagtaccg 1330
 gctctctgtc actcaccttg agagtagagc agaccctgtt ctgctctggg ctgtgaaggg 1390
 gtggagcagg cagtggccag ctttgccctt cctgctgtct ctgtttctag ctccatggtt 1450
 ggccctggtg ggggtggagt cctcccaaa caccagacca cacagtcctc caaaaataaa 1510
 cattttatat ag 1522

[0 0 8 9]

<210> 29

<211> 1591

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (44)...(1426)

<400> 29

gaaaacagtt ccacgttgct tgaaattgaa aatcaagata aaa atg ttc aca att	55
Met Phe Thr Ile	
1	
aag ctc ctt ctt ttt att gtt cct cta gtt att tcc tcc aga att gat	103
Lys Leu Leu Leu Phe Ile Val Pro Leu Val Ile Ser Ser Arg Ile Asp	
5 10 15 20	
caa gac aat tca tca ttt gat tct cta tct cca gag cca aaa tca aga	151
Gln Asp Asn Ser Ser Phe Asp Ser Leu Ser Pro Glu Pro Lys Ser Arg	
25 30 35	
ttt gct atg tta gac gat gta aaa att tta gcc aat ggc ctc ctt cag	199
Phe Ala Met Leu Asp Asp Val Lys Ile Leu Ala Asn Gly Leu Leu Gln	
40 45 50	
ttg gga cat ggt ctt aaa gac ttt gtc cat aag acg aag ggc caa att	247
Leu Gly His Gly Leu Lys Asp Phe Val His Lys Thr Lys Gly Gln Ile	
55 60 65	
aat gac ata ttt caa aaa ctc aac ata ttt gat cag tct ttt tat gat	295
Asn Asp Ile Phe Gln Lys Leu Asn Ile Phe Asp Gln Ser Phe Tyr Asp	
70 75 80	
cta tcg ctg caa acc agt gaa atc aaa gaa gaa gaa aag gaa ctg aga	343
Leu Ser Leu Gln Thr Ser Glu Ile Lys Glu Glu Glu Lys Glu Leu Arg	
85 90 95 100	
aga act aca tat aaa cta caa gtc aaa aat gaa gag gta aag aat atg	391
Arg Thr Thr Tyr Lys Leu Gln Val Lys Asn Glu Glu Val Lys Asn Met	
105 110 115	
tca ctt gaa ctc aac tca aaa ctt gaa agc ctc cta gaa gaa aaa att	439
Ser Leu Glu Leu Asn Ser Lys Leu Glu Ser Leu Leu Glu Glu Lys Ile	
120 125 130	
cta ctt caa caa aaa gtg aaa tat tta gaa gag caa cta act aac tta	487
Leu Leu Gln Gln Lys Val Lys Tyr Leu Glu Glu Gln Leu Thr Asn Leu	

135	140	145	
att caa aat caa cct gaa act cca gaa cac cca gaa gta act tca ctt			535
Ile Gln Asn Gln Pro Glu Thr Pro Glu His Pro Glu Val Thr Ser Leu			
150	155	160	
aaa act ttt gta gaa aaa caa gat aat agc atc aaa gac ctt ctc cag			583
Lys Thr Phe Val Glu Lys Gln Asp Asn Ser Ile Lys Asp Leu Leu Gln			
165	170	175	180
acc gtg gaa gac caa tat aaa caa tta aac caa cag cat agt caa ata			631
Thr Val Glu Asp Gln Tyr Lys Gln Leu Asn Gln Gln His Ser Gln Ile			
185	190	195	
aaa gaa ata gaa aat cag ctc aga agg act agt att caa gaa ccc aca			679
Lys Glu Ile Glu Asn Gln Leu Arg Arg Thr Ser Ile Gln Glu Pro Thr			
200	205	210	
gaa att tct cta tct tcc aag cca aga gca cca aga act act ccc ttt			727
Glu Ile Ser Leu Ser Ser Lys Pro Arg Ala Pro Arg Thr Thr Pro Phe			
215	220	225	
ctt cag ttg aat gaa ata aga aat gta aaa cat gat ggc att cct gct			775
Leu Gln Leu Asn Glu Ile Arg Asn Val Lys His Asp Gly Ile Pro Ala			
230	235	240	
gaa tgt acc acc att tat aac aga ggt gaa cat aca agt ggc atg tat			823
Glu Cys Thr Thr Ile Tyr Asn Arg Gly Glu His Thr Ser Gly Met Tyr			
245	250	255	260
gcc atc aga ccc agc aac tct caa gtt ttt cat gtc tac tgt gat gtt			871
Ala Ile Arg Pro Ser Asn Ser Gln Val Phe His Val Tyr Cys Asp Val			
265	270	275	
ata tca ggt agt cca tgg aca tta att caa cat cga ata gat gga tca			919
Ile Ser Gly Ser Pro Trp Thr Leu Ile Gln His Arg Ile Asp Gly Ser			
280	285	290	
caa aac ttc aat gaa acg tgg gag aac tac aaa tat ggt ttt ggg agg			967

Gln	Asn	Phe	Asn	Glu	Thr	Trp	Glu	Asn	Tyr	Lys	Tyr	Gly	Phe	Gly	Arg						
						295							300							305	
ctt	gat	gga	gaa	ttt	tgg	ttg	ggc	cta	gag	aag	ata	tac	tcc	ata	gtg	1015					
Leu	Asp	Gly	Glu	Phe	Trp	Leu	Gly	Leu	Glu	Lys	Ile	Tyr	Ser	Ile	Val						
						310							315							320	
aag	caa	tct	aat	tat	gtt	tta	cga	att	gag	ctg	gaa	gac	tgg	aaa	gac	1063					
Lys	Gln	Ser	Asn	Tyr	Val	Leu	Arg	Ile	Glu	Leu	Glu	Asp	Trp	Lys	Asp						
						325							330							335	340
aac	aaa	cat	tat	att	gaa	tat	tct	ttt	tac	ttg	gga	aat	cac	gaa	acc	1111					
Asn	Lys	His	Tyr	Ile	Glu	Tyr	Ser	Phe	Tyr	Leu	Gly	Asn	His	Glu	Thr						
						345							350							355	
aac	tat	acg	cta	cat	cta	gtt	gcg	att	act	ggc	aat	gtc	ccc	aat	gca	1159					
Asn	Tyr	Thr	Leu	His	Leu	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Asn	Val	Pro	Asn	Ala						
						360							365							370	
atc	ccg	gaa	aac	aaa	gat	ttg	gtg	ttt	tct	act	tgg	gat	cac	aaa	gca	1207					
Ile	Pro	Glu	Asn	Lys	Asp	Leu	Val	Phe	Ser	Thr	Trp	Asp	His	Lys	Ala						
						375							380							385	
aaa	gga	cac	ttc	aac	tgt	cca	gag	ggg	tat	tca	gga	ggc	tgg	tgg	tgg	1255					
Lys	Gly	His	Phe	Asn	Cys	Pro	Glu	Gly	Tyr	Ser	Gly	Gly	Trp	Trp	Trp						
						390							395							400	
cat	gat	gag	tgt	gga	gaa	aac	aac	cta	aat	ggg	aaa	tat	aac	aaa	cca	1303					
His	Asp	Glu	Cys	Gly	Glu	Asn	Asn	Leu	Asn	Gly	Lys	Tyr	Asn	Lys	Pro						
						405							410							415	420
aga	gca	aaa	tct	aag	cca	gag	agg	aga	aga	gga	tta	tct	tgg	aag	tct	1351					
Arg	Ala	Lys	Ser	Lys	Pro	Glu	Arg	Arg	Arg	Gly	Leu	Ser	Trp	Lys	Ser						
						425							430							435	
caa	aat	gga	agg	tta	tac	tct	ata	aaa	tca	acc	aaa	atg	ttg	atc	cat	1399					
Gln	Asn	Gly	Arg	Leu	Tyr	Ser	Ile	Lys	Ser	Thr	Lys	Met	Leu	Ile	His						
						440							445							450	

cca aca gat tca gaa agc ttt gaa tgaactgagg caaatttaaa aggcaat 1450

Pro Thr Asp Ser Glu Ser Phe Glu

455

460

aatttaaacaa ttaacctcat tccaagttaa tgtggtctaa taatctggta ttaaatacctt 1510

aagagaaagc ttgagaaata gatttttttt tatcttaaag tcactgtcta ttttaagatta 1570

aacatacaat cacataacct t 1591

【0090】

<210> 30

<211> 1249

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (134)...(784)

<400> 30

aacagtctgt ggagacagtt gtgtccctgt ggctttggtg cgcctgtgtg cactttctcc 60

ctccacctgg agcatgggct aacaccggag gaaaggaaaa gacagagtca gacagggagc 120

ctggggaggg gcc atg gtg cca atg cac tta ctg ggg aga ctg gag aag 169

Met Val Pro Met His Leu Leu Gly Arg Leu Glu Lys

1

5

10

ccg ctt ctc ctc ctg tgc tgc gcc tcc ttc cta ctg ggg ctg gct ttg 217

Pro Leu Leu Leu Leu Cys Cys Ala Ser Phe Leu Leu Gly Leu Ala Leu

15

20

25

ctg ggc ata aag acg gac atc acc ccc gtt gct tat ttc ttt ctc aca 265

Leu Gly Ile Lys Thr Asp Ile Thr Pro Val Ala Tyr Phe Phe Leu Thr

30

35

40

ttg ggt ggc ttc ttc ttg ttt gcc tat ctc ctg gtc cgg ttt ctg gaa 313

Leu Gly Gly Phe Phe Leu Phe Ala Tyr Leu Leu Val Arg Phe Leu Glu

45

50

55

60

<p> tgg ggg ctt cgg tcc cag ctc caa tca atg cag act gag agc cca ggg Trp Gly Leu Arg Ser Gln Leu Gln Ser Met Gln Thr Glu Ser Pro Gly 65 70 75 </p>	361
<p> ccc tca ggc aat gca cgg gac aat gaa gcc ttt gaa gtg cca gtc tat Pro Ser Gly Asn Ala Arg Asp Asn Glu Ala Phe Glu Val Pro Val Tyr 80 85 90 </p>	409
<p> gaa gag gcc gtg gtg gga cta gaa tcc cag tgc cgc ccc caa gag ttg Glu Glu Ala Val Val Gly Leu Glu Ser Gln Cys Arg Pro Gln Glu Leu 95 100 105 </p>	457
<p> gac caa cca ccc ccc tac agc act gtt gtg ata ccc cca gca cct gag Asp Gln Pro Pro Pro Tyr Ser Thr Val Val Ile Pro Pro Ala Pro Glu 110 115 120 </p>	505
<p> gag gaa caa cct agc cat cca gag ggg tcc agg aga gcc aaa ctg gaa Glu Glu Gln Pro Ser His Pro Glu Gly Ser Arg Arg Ala Lys Leu Glu 125 130 135 140 </p>	553
<p> cag agg cga atg gcc tca gag ggg tcc atg gcc cag gaa gga agc cct Gln Arg Arg Met Ala Ser Glu Gly Ser Met Ala Gln Glu Gly Ser Pro 145 150 155 </p>	601
<p> gga aga gct cca atc aac ctt cgg ctt cgg gga cca cgg gct gtg tcc Gly Arg Ala Pro Ile Asn Leu Arg Leu Arg Gly Pro Arg Ala Val Ser 160 165 170 </p>	649
<p> act gct cct gat ctg cag agc ttg gcg gca gtc ccc aca tta gag cct Thr Ala Pro Asp Leu Gln Ser Leu Ala Ala Val Pro Thr Leu Glu Pro 175 180 185 </p>	697
<p> ctg act cca ccc cct gcc tat gat gtc tgc ttt ggt cac cct gat gat Leu Thr Pro Pro Pro Ala Tyr Asp Val Cys Phe Gly His Pro Asp Asp 190 195 200 </p>	745
<p> gat agt gtt ttt tat gag gac aac tgg gca ccc cct taaatgact Asp Ser Val Phe Tyr Glu Asp Asn Trp Ala Pro Pro </p>	790

205	210	215	
ctcccaagat ttctcttctc tccacaccag acctcgttca ttgactaac attttccagc			850
gcctactatg tgcagaaac aagtgtttct gcctggacat cataaatggg gacttggacc			910
ctgaggagag tcaggccacg gtaagccctt cccagctgag atatgggtgg cataatttga			970
gtcttctggc aacatttggg gacctacccc atatccaata ttccagcgt tagattgagg			1030
atgaggtagg gaggtgatcc agagaaggcg gagaaggaag aagtaacctc tgagtggcgg			1090
ctatigcttc tgttccaggt gctgttcgag ctgttagaac ccttaggctt gacagctttg			1150
tgagttatta ttgaaaaatg aggattccaa gagtcagagg agtttgataa tgtgcacgag			1210
ggcacactgc tagtaaataa cattaaaata actiggaatg			1249

【0091】

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP02837がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP02991がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP03063がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP03091がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP03092がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP03116がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10618がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10619がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

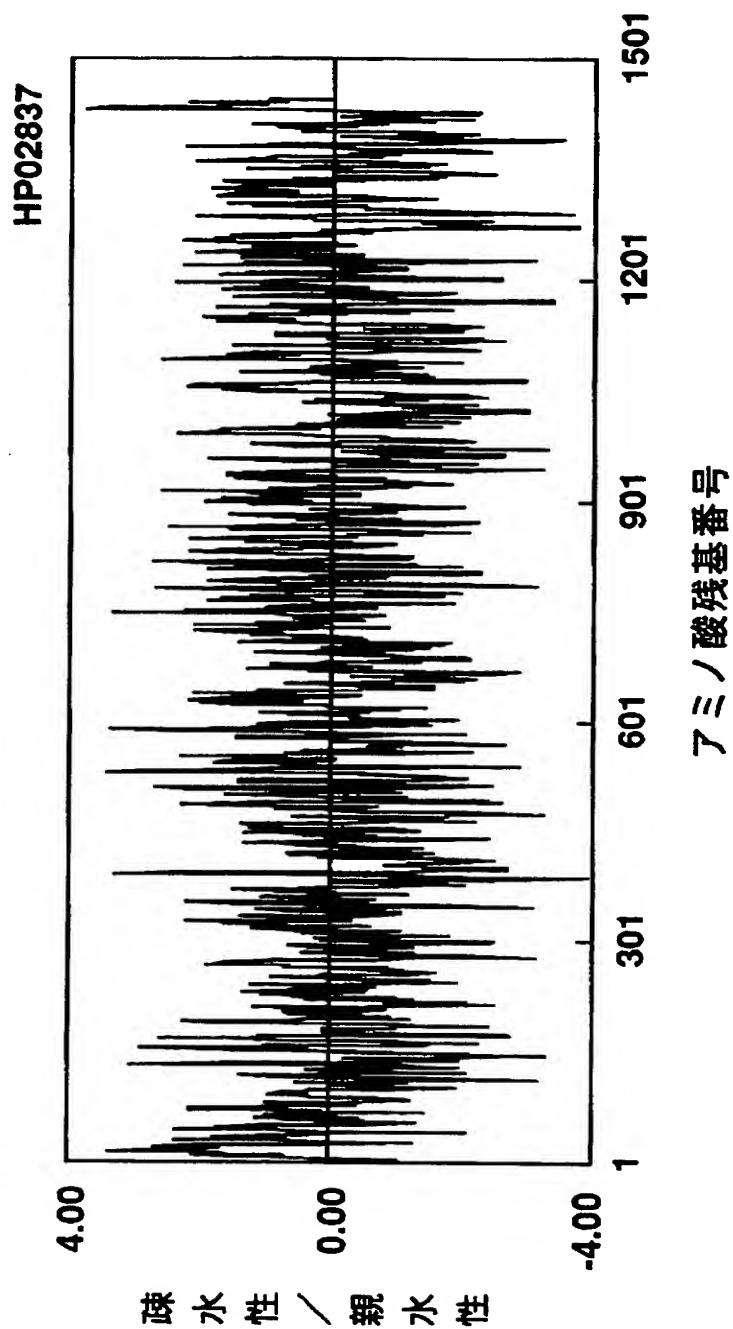
【図9】 クローンHP10622がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図10】 クローンHP10625がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

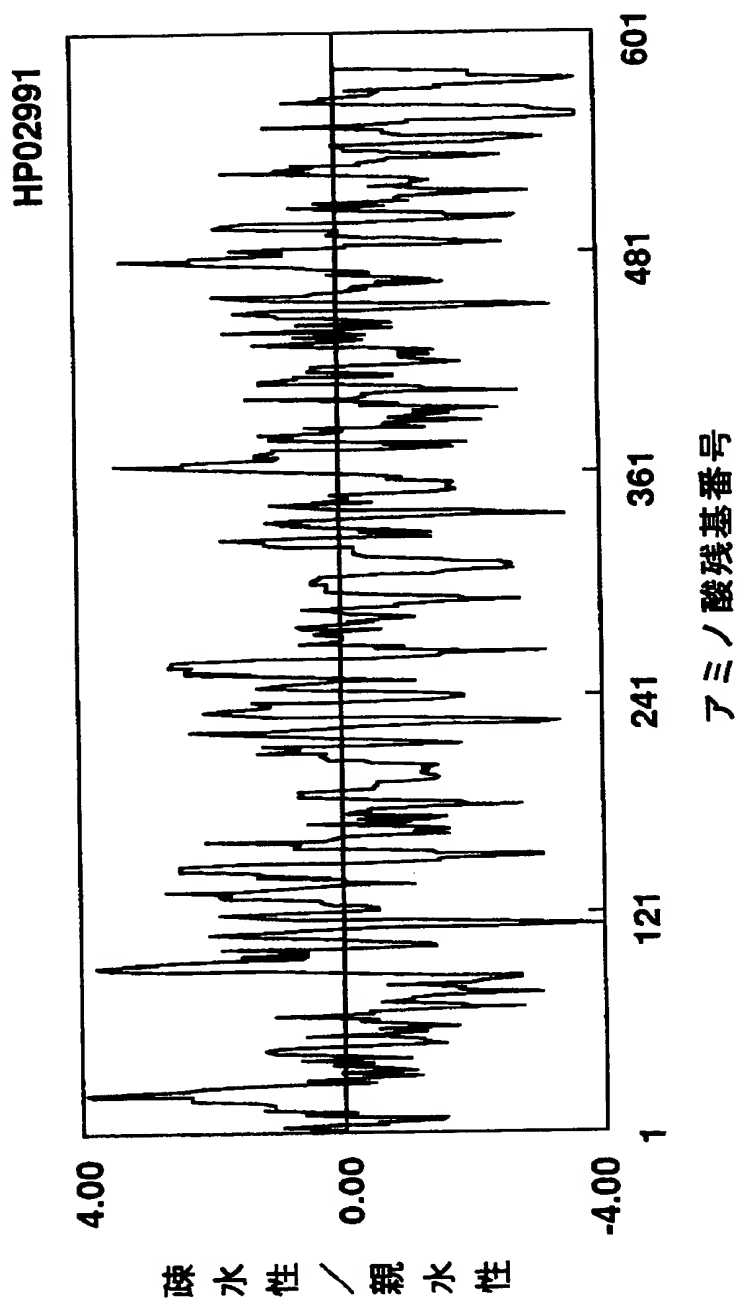
【書類名】

図面

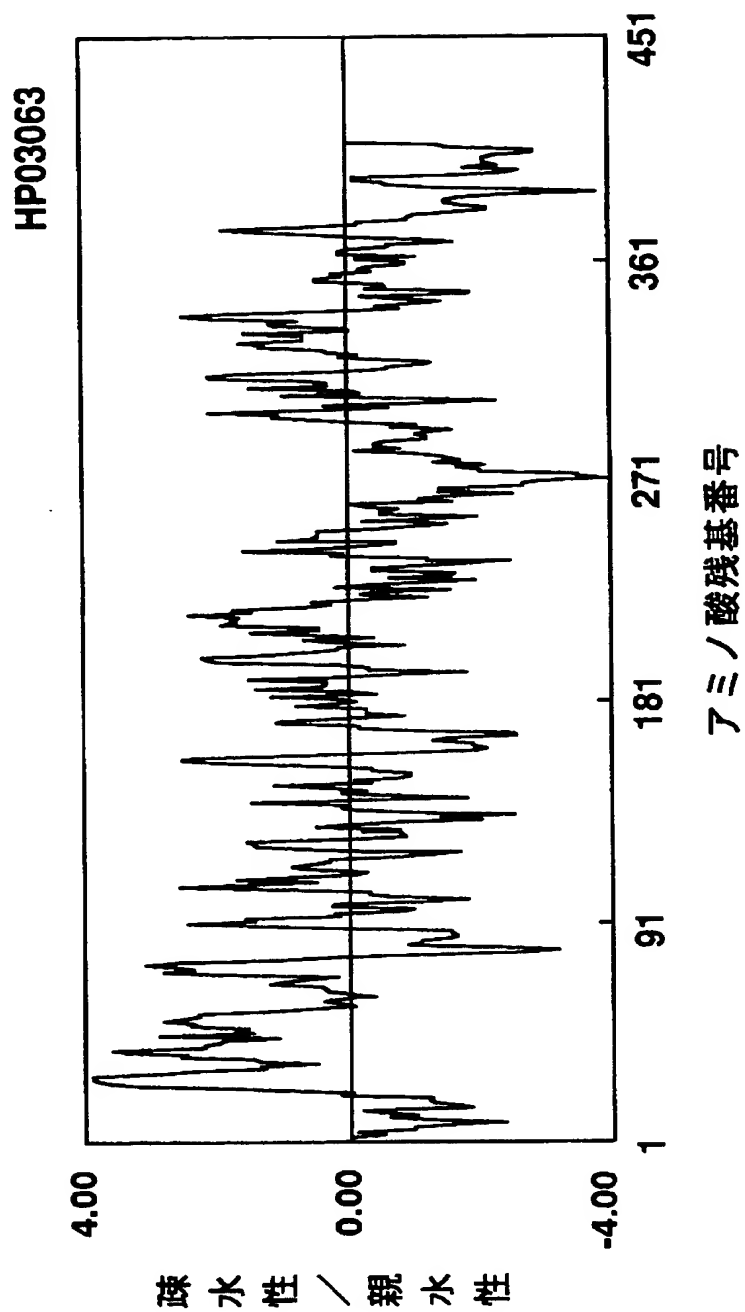
【図 1】



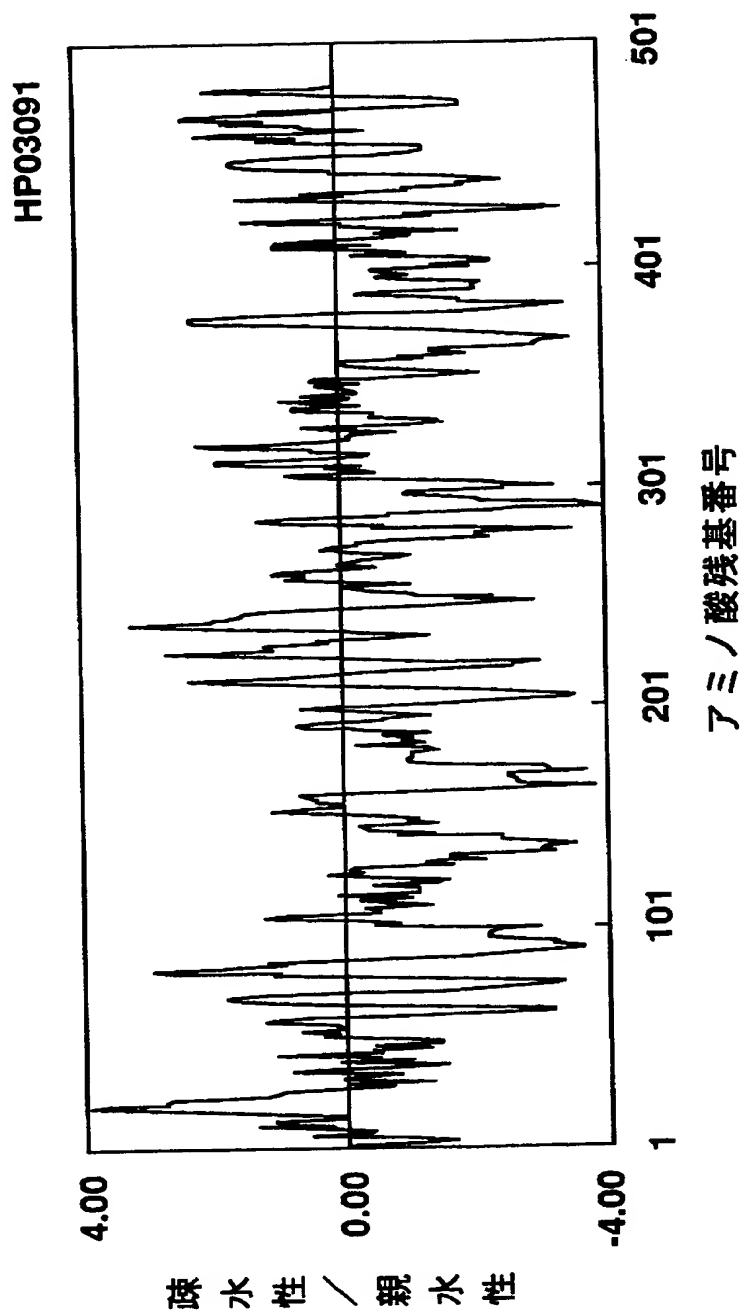
【図 2】



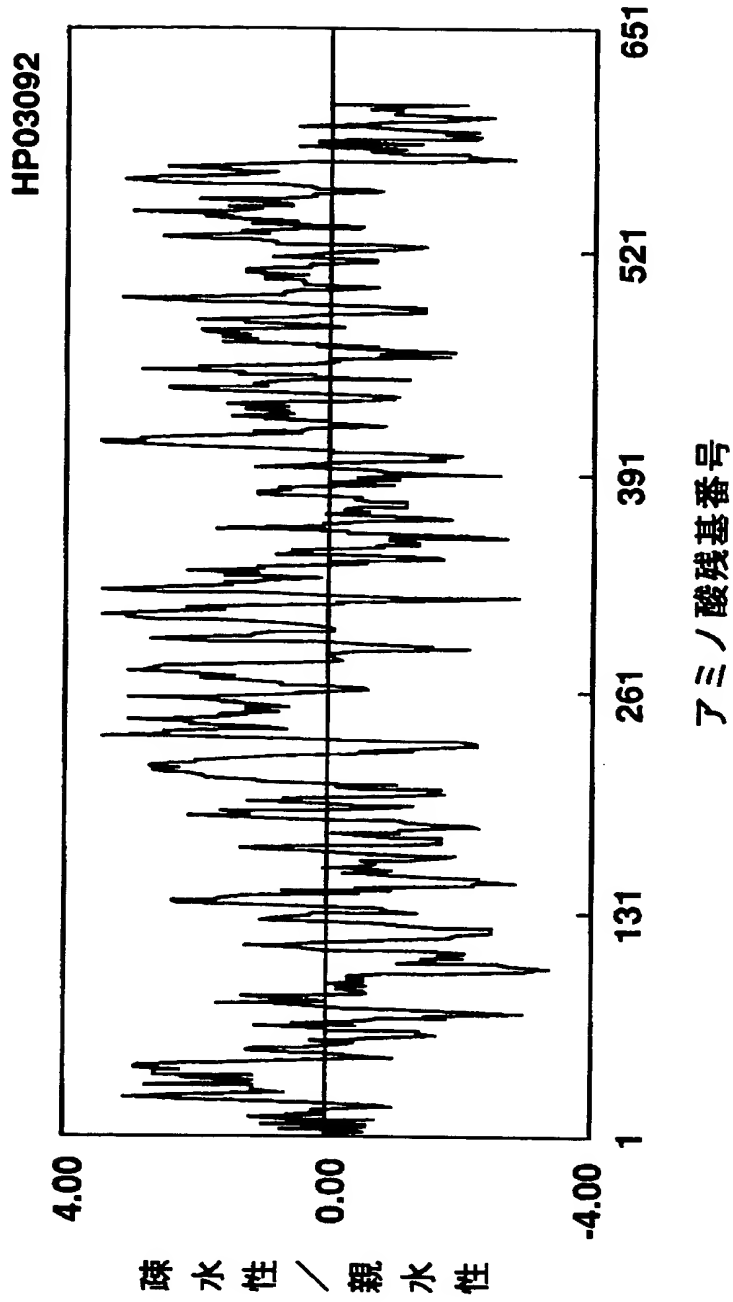
【図3】



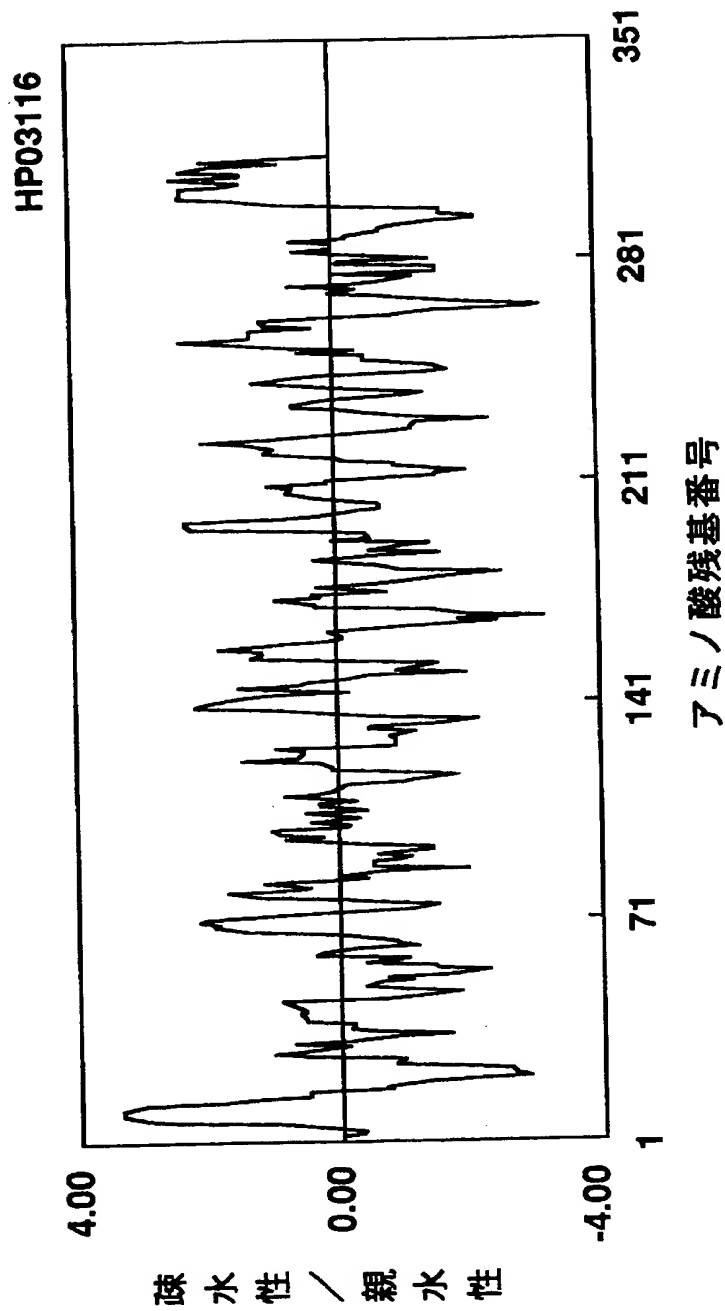
【図 4】



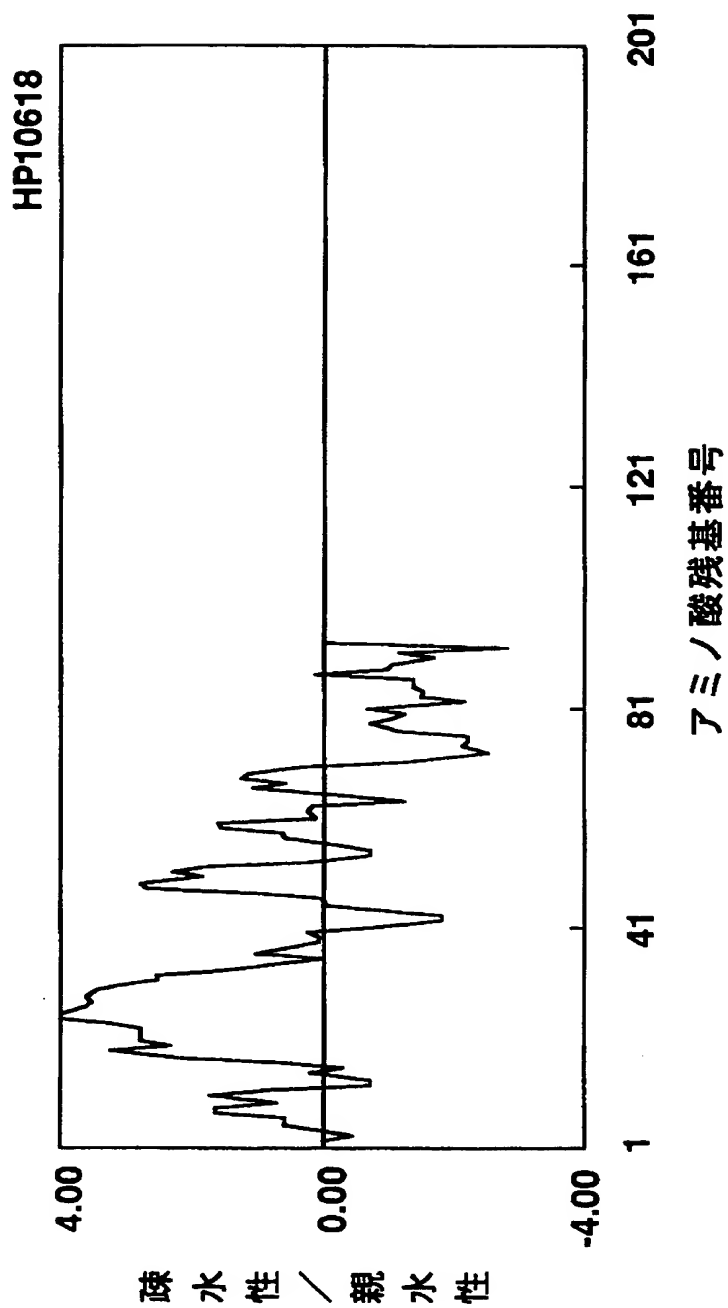
【図 5】



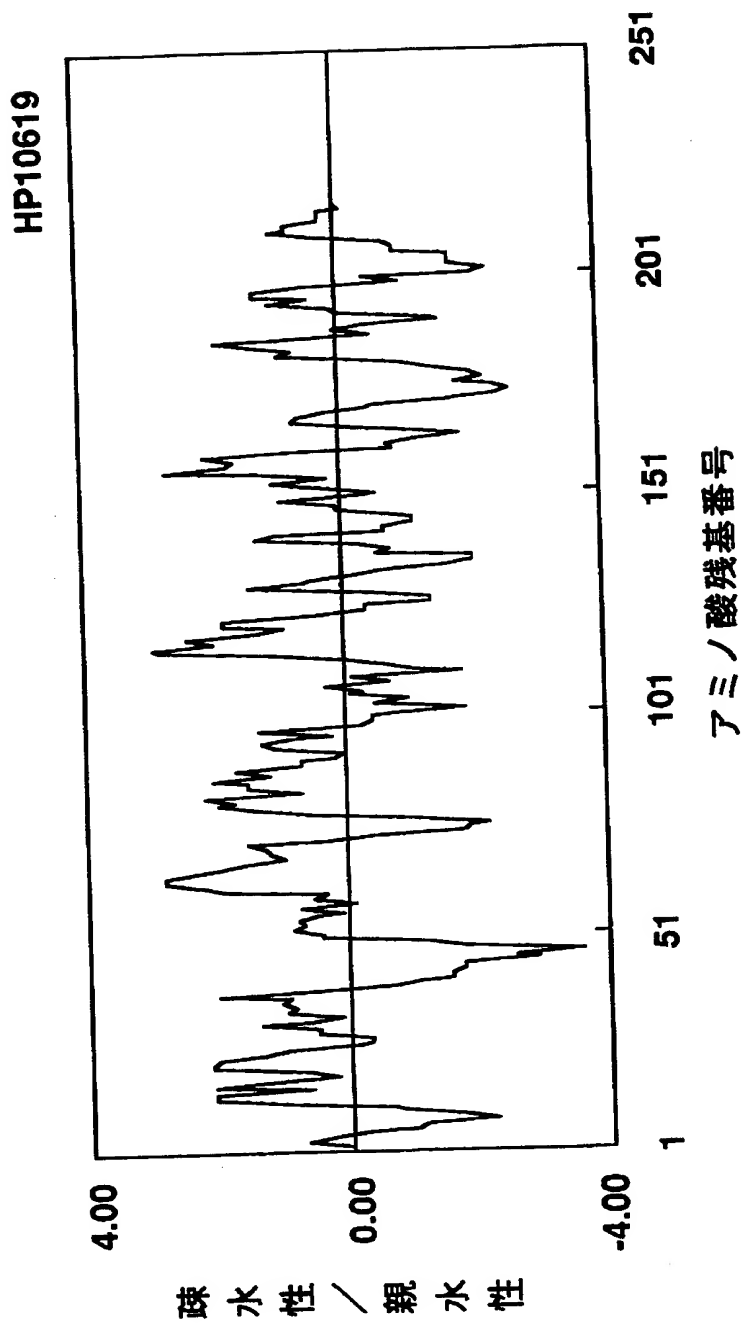
【図6】



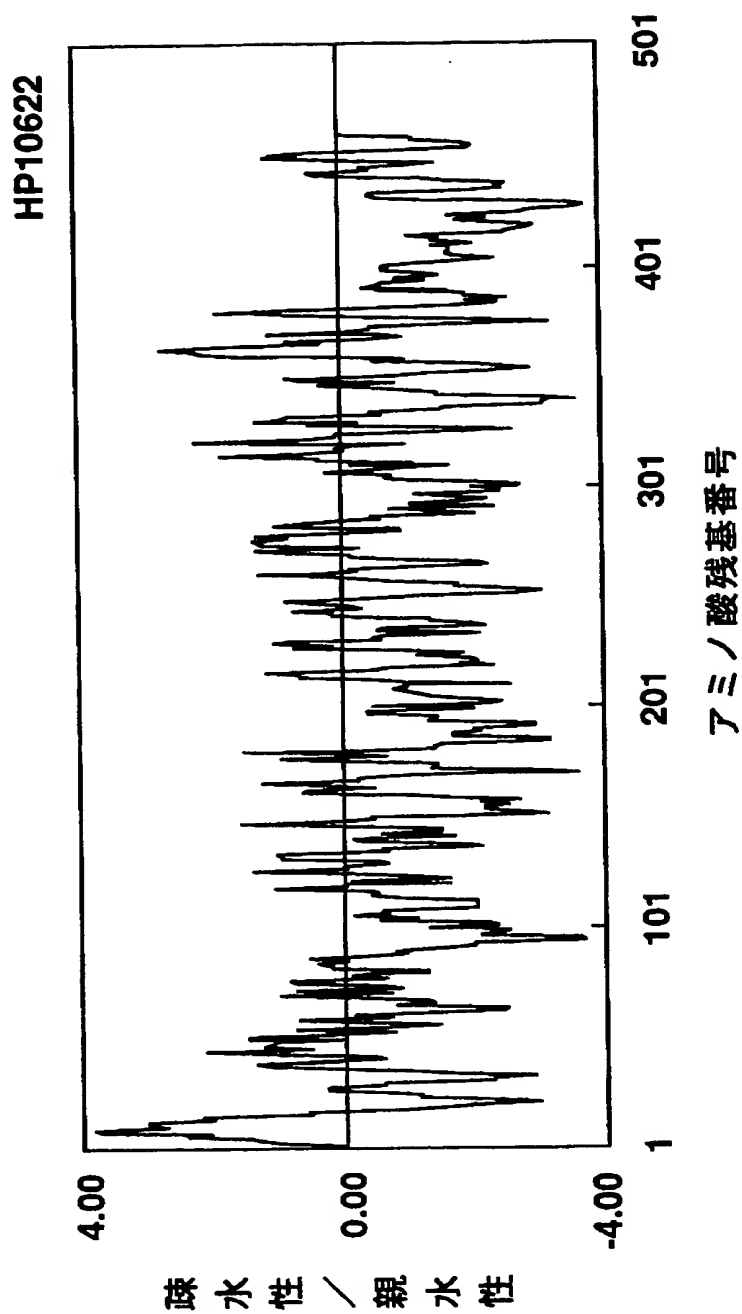
【図 7】



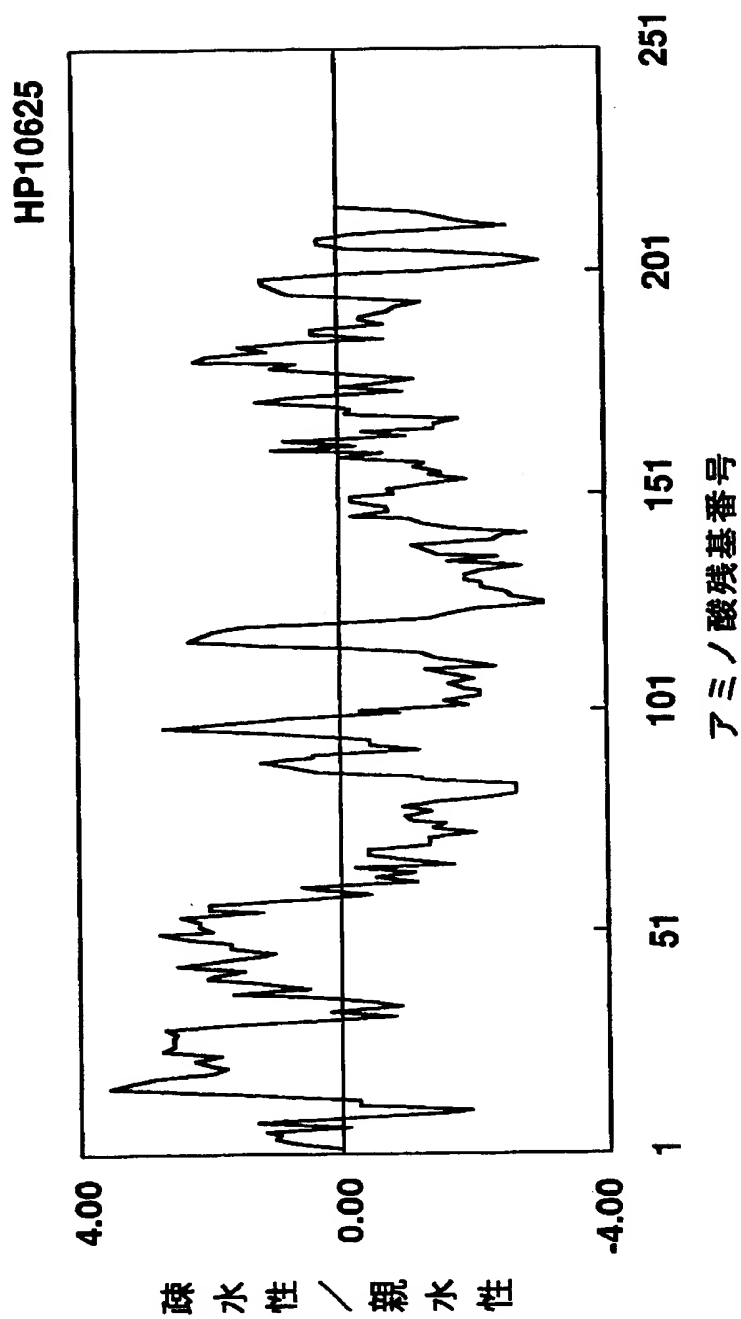
【図 8】



【図9】



【図10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定 - 付加情報

特許出願の番号	平成10年 特許願 第364315号
受付番号	59800834878
書類名	特許願
担当官	小池 光憲 6999
作成日	平成11年 4月 5日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日

[変更理由] 住所変更

住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

氏 名 財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[596134998]

1. 変更年月日

1996年 9月13日

[変更理由]

新規登録

住 所

東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名

株式会社プロテジーン



4.
5.